

University of Groningen

Mild climate, harsh times for polar marine microbes

Piquet, Anouk Marie-The r se

IMPORTANT NOTE: You are advised to consult the publisher's version (publisher's PDF) if you wish to cite from it. Please check the document version below.

Document Version

Publisher's PDF, also known as Version of record

Publication date:

2010

[Link to publication in University of Groningen/UMCG research database](#)

Citation for published version (APA):

Piquet, A. M.-T. (2010). *Mild climate, harsh times for polar marine microbes*. s.n.

Copyright


Other than for strictly personal use, it is not permitted to download or to forward/distribute the text or part of it without the consent of the author(s) and/or copyright holder(s), unless the work is under an open content license (like Creative Commons).

The publication may also be distributed here under the terms of Article 25fa of the Dutch Copyright Act, indicated by the "Taverne" license. More information can be found on the University of Groningen website: <https://www.rug.nl/library/open-access/self-archiving-pure/taverne-amendment>.

Take-down policy

If you believe that this document breaches copyright please contact us providing details, and we will remove access to the work immediately and investigate your claim.

Downloaded from the University of Groningen/UMCG research database (Pure): <http://www.rug.nl/research/portal>. For technical reasons the number of authors shown on this cover page is limited to 10 maximum.



Résumé Français
'Climat doux, temps durs
pour les micro-organismes marins polaires'

Anouk M.-T. Piquet

MICRO-ORGANISMES MARINS

Qu'appelle-t-on micro-organismes marins ?

Les micro-organismes sont des unicellulaires de taille microscopique, à l'échelle du micromètre: les plus petits font quelques millièmes de millimètre (0.2 μm) tandis que les plus grands peuvent atteindre quelques dixièmes de millimètre (200 μm). Les organismes microbiens dans l'environnement marin appartiennent aux trois domaines de la vie : les *Eucaryotes*, les *Bactéries* et les *Archées*. Parmi eux, le phytoplancton (*Eucaryote*) et le bactérioplancton (*Bactérie*) sont les plus abondants. Le phytoplancton se présente sous des tailles très variables, par conséquent il est souvent répertorié selon ce critère: le pico-plancton (0.2 à 2 μm), le nanoplancton (2-20 μm) et le microplancton (20-200 μm). Les Bactéries et les Archées, mesurent en règle générale moins d'un micromètre.

Que font-ils ?

Malgré leur taille microscopique ces organismes jouent un rôle central dans le cycle global du carbone et ils forment la base de la plupart des chaînes alimentaires océaniques. Le phytoplancton marin produit la moitié de la production primaire mondiale avec 45 gigatonnes de carbone organique par an. Le phytoplancton utilise l'énergie solaire pour la photosynthèse. Dans ce processus, le dioxyde de carbone (CO_2), gaz provenant de l'atmosphère et qui se dissout dans l'eau, est absorbé et transformé en carbone organique. Au printemps, lorsque la lumière redevient abondante et que l'eau de mer est enrichie en nutriments (phosphate, nitrate et silice) le phytoplancton peut se développer de façon exponentielle. Ceci peut aboutir à des floraisons de phytoplancton qui sont parfois si abondantes qu'elles peuvent-être vues par satellite (*voir* fig. 1.1.). Les restes de ces floraisons sont aussi parfois visibles sur nos plages sous forme de mousse, qui est un reste de la gélatine qui enrobait les colonies de microalgues appartenant à l'espèce: *Phaeocystis* sp.

Quel est le sort du carbone organique ?

Le carbone organique produit par le phytoplancton peut avoir trois destins :

(1). Le phytoplancton est consommé par des herbivores, qui à leur tour sont mangés par des carnivores (zooplancton : de petits animaux multicellulaires). Ceux-ci transportent le carbone vers le haut de la chaîne alimentaire- les poissons, les oiseaux, les mammifères marins et finalement l'être humain. C'est ainsi que presque toutes les formes de vie se trouvant dans les océans sont nourries par le phytoplancton microscopique.

(2). Le phytoplancton meurt et se décompose. C'est dans ce processus que les Bactéries interviennent : elles utilisent leurs enzymes pour décomposer les matières organiques en carbone inorganique et en nutriments de base (phosphate, nitrate, silice, etc). En bref, les bactéries sont donc responsables du recyclage. Si les nutriments et matériaux de base sont épuisés, c'est l'activité bactérienne qui régénère les ressources manquantes, ceci permet à la production primaire de reprendre.

(3). Le phytoplancton peut couler (ou sédimenter), ceci entraîne la disparition de carbone organique jusqu'au fond des océans. C'est de cette façon que le dioxyde de carbone issu de l'atmosphère est fixé pour des siècles au fond des océans en tant que sédiment. Ceci se produit principalement pour les diatomées, plus lourdes grâce à leur squelette de verre (de silice) ; ou bien quand le phytoplancton s'agglomère en mourant; ou alors lorsque le phytoplancton est consommé par du zooplancton qui l'excrète sous forme de palettes fécales. Dans les deux

derniers cas le phytoplancton est devenu plus lourd, donc il coule plus facilement et peut être stocké au fond des océans.

Comment reconnaît-on un micro-organisme?

Les organismes de très petite taille sont en général très difficile à classifier. Dans le cas des espèces de phytoplancton de ‘grande’ taille, celles-ci disposent de traits taxonomiques : leurs structures extracellulaires permettent de les identifier par microscopie (*voir* figure 1.4.). Par exemple, pour les diatomées ce sont leurs ‘maisons de verre’ qui permettent leur identification, mais ceci demande une grande connaissance et expertise de taxonomiste afin de pouvoir les reconnaître. En ce qui concerne les plus petites espèces comme le picoplancton, nanoplancton, bacterioplancton et les archées, ne disposant de quasiment aucun caractère externe qui permette de les discerner et de les identifier, la microscopie est exclue.

Il faut donc utiliser d’autres techniques pour les identifier. L’approche classique fait appel à la culture en utilisant des ressources nutritives spécifiques, mais elle n’aboutit qu’à la culture de quelques organismes. Par exemple, seulement 1% des bactéries peuvent-être cultivées. Dans le cas du phytoplancton, il est possible d’analyser la composition de leurs pigments. Cette composition étant spécifique pour chaque groupe de phytoplancton il est possible de créer une empreinte digitale du pigment. Cette identification se limite à l’échelle taxonomique de la classe et ne permet donc pas d’identifier une espèce.

Les techniques moléculaires développées dans les années ’90 permettent désormais de classifier les organismes grâce à leur séquence d’ADN. C’est notamment la technique de PCR (Polymerase Chain Reaction) qui permet de copier et d’amplifier de façon exponentielle le morceau sélectionné d’un gène. Lorsque ce morceau a été amplifié, il peut être analysé en utilisant diverses techniques. L’identification de Bactéries et des Archées est généralement réalisée en utilisant le gène codant pour le 16S ARNr ; pour les Eucaryotes c’est le gène codant pour le 18S ARNr. Chaque espèce dispose d’un code d’ADN spécifique pour ses gènes, par conséquent, le séquençage partiel ou entier de ces gènes permet l’identification d’organismes au niveau de l’espèce. Etant donné que le séquençage est cher et laborieux, d’autres techniques ont depuis été développées qui permettent de générer une empreinte digitale de la communauté microbienne (en anglais ‘community fingerprinting’). Une de ces techniques d’empreinte est le DGGE (‘Denaturant Gradient Gel Electrophoresis’).

En termes pratiques l’approche utilisée est la suivante : un échantillon d’eau est passé sur un filtre (aux pores de taille spécifique). De cette façon tous les organismes dans l’échantillon d’eau sont rassemblés sur le filtre, celui-ci est ensuite utilisé afin d’extraire l’ADN. Lorsque l’ADN est extrait, il est utilisé afin d’amplifier le morceau de gène désiré avec la PCR. Ceci génère des morceaux de gènes, provenant de tous les organismes présents dans l’échantillon d’eau. Ceux-ci sont séparés par l’application d’une technique d’empreinte moléculaire, qui génère une empreinte sous la forme de différentes bandes d’ADN, où chaque bande représente une espèce différente. Cette technique permet donc de visualiser et révéler de façon relativement simple des changements dans la composition de la communauté microbienne. La dernière étape de cette technique, consiste à sélectionner chaque bande et la séquencer afin de déterminer l’organisme correspondant à chaque bande d’ADN.

Micro-organismes marins polaires et changements climatiques

Les micro-organismes habitent tous les biotopes de la Terre. Dans le milieu marin on les trouve aussi bien dans les régions tropicales, que dans les mers gelées et hostiles des régions polaires. Selon le rapport de l'IPCC ('Intergovernmental Panel on Climate Change') les changements climatiques sont les plus prononcés dans les régions polaires.

Dans les mers polaires, comme ailleurs, le phytoplancton et les bactéries sont essentiels pour les chaînes alimentaires ainsi que pour la fixation du dioxyde de carbone. Ici, ce sont le phytoplancton et les micro-algues de glace qui produisent ensemble la majorité du carbone organique, qui est ensuite principalement consommés par des petits crustacés ('le krill' et les copépodes) entraînant le carbone organique vers le haut de la chaîne alimentaire. Il est à présent essentiel de déterminer quels seront les effets directs et indirects du changement climatique et ce que cela signifiera pour les communautés microbiennes polaires.

Les changements climatiques pourraient altérer la composition des communautés de phytoplancton, ce qui pourrait favoriser des espèces phytoplanctoniques aux valeurs moins nutritives, ou alors réduire le taux de croissance des espèces de phytoplancton 'lourdes' qui sédimentent plus facilement (par exemple les diatomées). La quantité de dioxyde de carbone fixée par la photosynthèse et exportée vers le fond océanique, serait alors aussi réduite. Il est donc essentiel de décrire et déterminer la composition actuelle du phytoplancton et du bactérioplancton polaire afin d'obtenir un cadre de référence pour les années de réchauffement.

En plus des effets directs causés par les hausses de températures globales, il existe toute une série d'effets indirects. Les calottes glaciaires, les glaciers et la glace marine fondent plus vite ce qui accroît la décharge d'eau de fonte et décroît la superficie des glaces marines. Les eaux de fonte étant principalement douces, les modèles prédisent une réduction de la salinité dans les régions polaires côtières. Etant donné que l'eau douce est plus légère que l'eau salée, les fontes glacières peuvent entraîner une stratification de la colonne d'eau. Les microorganismes coincés dans les couches d'eau en surface doivent faire preuve d'une grande adaptabilité afin de pouvoir survivre dans une eau dont la salinité est réduite. Simultanément, ces organismes sont exposés à plus de lumière solaire. Un surplus de lumière peut endommager l'appareil de photosynthèse et donc réduire la croissance des micro-algues, la fixation de CO₂ et la production de carbone organique.

De plus, le trou dans la couche d'ozone continue de réapparaître chaque année ; le trou est plus prononcé à la fin de l'hiver-début du printemps. C'est surtout dans les régions du pôle sud que la couche d'ozone est la plus fine, ce qui permet à plus de radiations d'Ultra-violet (UV) d'atteindre la surface de la Terre et de pénétrer dans le milieu marin. Ces organismes coincés dans les couches d'eau superficielles se trouvent en plus exposés à des quantités accrues de radiations UV dangereuses. En temps normal, la couche de glace marine forme une couche protectrice compensant la diminution de la couche d'ozone. La hausse des températures fera fondre cette couche protectrice et permettra une floraison phytoplanctonique prématurée. Ce mauvais 'timing' signifierait un risque accru d'exposition aux radiations d'UV.

Le phytoplancton et les bactéries peuvent, comme nous-mêmes, souffrir de 'coups de soleil', mais certaines espèces sont mieux protégées que d'autres contre le rayonnement solaire grâce à leurs pigments. Ces pigments absorbent les radiations aux valeurs énergétiques élevées et limitent les dégâts causés par les UV. De façon générale plus un organisme est petit, moins il aura de pigments. Par conséquent, le bactérioplancton risque d'être plus sensible aux UV que le phytoplancton. L'exposition aux UV risque donc d'entraîner un changement dans la composition des communautés microbiennes.

LA THESE : MICRO-ORGANISMES MARINS POLAIRES PAR TEMPS DE CHANGEMENTS CLIMATIQUES

Dans ma thèse j'ai essayé de décrire la composition naturelle des communautés marines microbiennes provenant de divers lieux polaires, et de relier leurs changements vus et observés aux facteurs environnementaux. J'ai surtout utilisé les techniques moléculaires afin de révéler des changements communautaires. Pour le bactérioplancton, j'ai analysé le gène 16S ARNr et pour les micro-organismes eucaryotes: le gène 18S ARNr. C'est en générant des empreintes moléculaires, par le biais du DGGE, que j'ai pu révéler des changements dans la communauté microbienne en corrélation avec les facteurs environnementaux. J'ai ensuite identifié les espèces composant ces communautés microbiennes par séquençage.

Tous les sites polaires analysés et présentés dans cette thèse étaient alors encore dépourvus de description moléculaire et de données de séquençage. Parmi ces sites Prydz Bay, située sur la côte Est de l'Antarctique (station Davis, Australian Antarctic Division) **Chapitres 2 & 3**; un site situé sur l'Ouest de la Péninsule Antarctique : Ryder Bay (Rothera Station, British Antarctic Survey) **Chapitre 4**; et finalement un site dans le Pole Arctique situé sur la cote ouest de l'île du Spitsberg, le Kongsfjorden-Krossfjorden (Koldeway Station, Alfred Wegener Institut) **Chapitre 5**. Les locations exactes de ces sites sont indiquées par des étoiles dans la figure 1.5 du chapitre 1.

RADIATIONS ULTRA-VIOLETTES ET ALTERATIONS DES COMMUNAUTÉS MARINES POLAIRES MICROBIENNES (Prydz Bay, Antarctique)

Les données pour les communautés micro-eucaryotiques sont présentées dans le **chapitre 2**, tandis que les résultats pour le bactérioplancton sont présentés dans le **chapitre 3**.

Les deux études ont été conduites avec les mêmes échantillons d'eau, que nous avons récoltés d'octobre 2002 à janvier 2003 dans la Baie de Prydz. Quatre échantillons ont été analysés afin de décrire la succession naturelle des microbes marins (eucaryotes et bactéries) de Prydz Bay. Ces quatre échantillons ont aussi été utilisés dans une expérience de radiations UV. Afin de conduire ces expériences, les populations microbiennes naturelles de Prydz Bay (seulement les organismes plus petits que 200 μm) ont été pompées dans six citernes de 650L et par la suite exposées à six traitements distincts d'UV. Des filtres placés sur les citernes ont permis d'atténuer différemment les radiations solaires naturelles, variant d'un régime avec seulement des radiations lumineuses (RL: 400 à 800 nm) jusqu'à un régime aux radiations UV élevées (RL + R-UV 280-400 nm). Les expériences duraient deux semaines et ont été répétées quatre fois ; pour chaque expérience nous avons récolté des échantillons le premier, septième et quatorzième (dernier) jour de l'expérience afin de suivre l'évolution des communautés au fil du temps et comparer les changements entre les différents régimes d'irradiation.

Dans le **chapitre 2**, les analyses d'échantillons naturels de Prydz Bay par DGGE révèlent des changements clairs pour les communautés micro-eucaryotiques au cours du temps. Par contre, les radiations UV n'ont pas eu d'effet structurant sur la communauté microbienne eucaryotique. Les résultats de nos expériences suggèrent donc que les radiations d'UV naturelles n'ont pas la capacité de structurer les micro-eucaryotes marins polaires (surtout le phytoplancton).

Les résultats présentés dans le **chapitre 3**, démontrent que la fraction bactérienne de la communauté microbienne était affectée par les radiations ultra-violettes (**Chapitre 3**). Dans nos expériences, il apparut que les changements dans les patrons de DGGE étaient toujours

structurés par le facteur ‘temps d’incubation’, ainsi que par le facteur ‘radiations UV’ dans la moitié des expériences. De plus, les radiations ultra-violettes causèrent une réduction de diversité bactérienne dans les citernes exposées aux radiations les plus élevées. En conclusion, nos expériences démontrent que les radiations UV ont une capacité signifiante à structurer de façon subtile les communautés microbiennes Antarctiques.

PRYDZ BAY : COMPOSITION DE LA COMMUNAUTÉ MICROBIENNE

L’analyse par DGGE des échantillons d’eau du Prydz Bay, utilisés comme inoculant pour nos expériences, révèlent clairement les changements au fil du temps de la communauté micro-eucaryotique, qui fut aussi confirmée par les résultats de séquençage (**Chapitre 2**). En octobre la communauté était très diverse (beaucoup de bandes d’ADN) étant composées de diatomées, dinoflagellés, *Phaeocystis* sp. et diverses espèces de zooplancton. Les deux échantillons suivants, novembre et décembre, indiquent un changement en faveur d’une communauté dominée par des espèces de dinoflagellés. Ceci suggère qu’en dehors des périodes de floraisons planctoniques, ce groupe de dinoflagellés joue un rôle important dans les eaux antarctiques côtières. Le dernier échantillon, prélevé au mois de janvier, nous est apparu dominé par des espèces de diatomées, ce qui indique le début de la floraison phytoplanctonique.

Le séquençage de la communauté bactérienne de Prydz Bay, a révélé une composition typique pour des eaux marines polaires (**Chapitre 3**). En octobre la communauté bactérienne était composée de membres appartenant aux groupes d’*Alpha-Proteobactéries*, *Gamma-Proteobactéries* et des *Cyto-Flavobactérie-Bacteroidetes* (CFB). En décembre et janvier, la communauté s’est modifiée, dominée par des séquences appartenant au groupe des CFB. Ce changement correspond bien aux propriétés de ce groupe de bactéries, qui est capable de réagir rapidement à une croissance de matériel organique, relâchées par les floraisons de phytoplancton. Ceci correspond bien aux résultats de séquençage du gène 18S ARNr présentés dans le **Chapitre 2** qui décrit l’évolution vers une communauté micro-eucaryotique dominée par des diatomées au mois de Janvier. De plus, les analyses par microscopie (conduites par les collègues Australiens) ont indiqué une croissance de biomasse dans les échantillons de décembre et janvier, ce qui signifie aussi une quantité de matière organique accrue. Le séquençage de la communauté bactérienne a révélé que le Prydz Bay se composait aussi des groupes bactériens rares (*Delta-Proteobacteria*, *Gemmatimonadetes*, *Planctomycetes*, *Verrucomicrobia* et une “bactérie non-classifiée”).

STRATIFICATION DE LA COLONNE D’EAU, EFFET DISRUPTEUR DU VENT ET CONSEQUENCES POUR LES COMMUNAUTÉS MICROBIENNES ANTARCTIQUES (Ryder Bay, Péninsule Antarctique Ouest)

La succession naturelle des communautés micro-eucaryotes et bactériennes a été clairement révélée par les analyses moléculaires d’échantillons environnementaux rassemblés de janvier à mars 1998 dans la Baie de Ryder. Les DGGE’s générés pour des fragments des gènes 16S- et 18S ARNr révélèrent deux types de patrons pendant la période d’échantillonnage, qui coïncident avec une période de stratification suivie par une période ventée, grâce à laquelle la colonne d’eau devint mélangée verticalement.

La période stratifiée était caractérisée par un faible vent et une salinité réduite en surface avec une moyenne de 31.2 psu. La deuxième période avait commencée par une journée très ventée qui induisit directement une croissance du taux de salinité en surface. Dans les jours suivants, le vent continuât à souffler, maintenant la salinité de surface en moyenne à 32.4 psu, par le biais de l’effet perturbateur du vent, responsable du mélange de la colonne d’eau.

Dans la première période, les modèles de DGGE, générés pour les micro-eucaryotes échantillonnés en surface différaient de ceux rassemblés à 10m de profondeur. Ensuite, le DGGE du 18S ADNr, changeât directement lors de la période ventée et probablement grâce au mouvement vertical de la colonne d'eau; tandis que les patrons de DGGE générés pour la communauté bactérienne eurent une période de délai avant de changer. Ceci suggère que les bactéries ont une réponse secondaire: réagissant aux changements de la communauté phytoplanctonique plutôt que directement aux changements de la colonne d'eau. Pendant la deuxième période, les patrons de DGGE générés pour les échantillons rassemblés en surface et à 10m de profondeur étaient identiques grâce à une colonne d'eau mélangée par le vent.

Les résultats provenant du séquençage de bibliothèques colonnaires générées pour des fragments des gènes 16S et 18S ARNr supportèrent la présence de deux périodes distinctes pendant l'échantillonnage. Ces résultats révèlent un changement parmi les diatomées: dans la première période les *Actinocyclus* sp. dominaient, puis ont été remplacés dans la seconde période par les *Thalassiosira* sp. Ce changement parmi les diatomées n'avait pas été remarqué par les analyses de pigments, dont la résolution analytique se limite au niveau de la classe (taxonomique) et par conséquent ne permet pas de distinguer des espèces au sein d'une classe. Ces résultats supportent une fois de plus la valeur des analyses moléculaires. Le séquençage de bactéries a aussi révélé deux communautés: une première dominée par des membres des *Alpha-* et *Gamma-Proteobactéries*, suivie d'une communauté dominée par les *CFBs*.

Nos résultats présentés dans le **chapitre 4** démontrent que l'état de la colonne d'eau, étant soit stratifiée, soit mélangée verticalement par le vent, a un effet direct sur la composition de la communauté micro-eucaryotique, tandis que l'effet est indirect pour la communauté bactérienne. Les modèles climatiques prédisent des températures croissantes, et une augmentation des fontes glacières, qui a leur tour induiront une stratification de la colonne d'eau. Nos résultats suggèrent que ces changements auront des effets altérants sur les populations microbiennes marines des régions polaires.

FJORDES ARCTIQUES, GLACIERS FONDANTS ET COMMUNAUTÉS MICROBIENNES (Kongsfjorden-Krossfjorden, Spitsberg)

Le Kongsfjorden et Krossfjorden sont deux fjords semi-ouverts situés sur la côte ouest du Spitsberg (voir figures 1.5 et 5.1). Du côté océanique ils sont influencés par les courants d'eau d'origine Atlantiques qui y transportent des eaux aux températures douces, tandis qu'à l'intérieur de ces fjords les fontes glacières y sont influentes.

Le courant 'Atlantique transformé' circule vers le nord le long de la côte ouest du Spitsberg (West Spitsbergen Current, WSC) y transportant des eaux salées et chaudes. Ceci lui procure un climat relativement doux pour une latitude de 79°N, avec de températures relativement élevées qui par la suite causent une fonte glacière élevée. Une fonte glacière accrue est aussi prédite pour d'autres sites polaires par les modèles climatiques. C'est une des raisons pour lesquelles ces fjords sont considérés comme des 'modèles vivants/naturels' pour l'étude des effets des changements climatiques.

Les deux fjords sont influencés par plusieurs glaciers: une fonte glacière accrue a surtout lieu pendant l'été, ceci y apporte beaucoup d'eau douce de fonte enrichie en particules sédimentaires. Par conséquent la colonne d'eau y devient stratifiée avec une couche de surface trouble. Le changement des propriétés physiques de la colonne d'eau y affectent les communautés microbiennes en surface, ainsi que les communautés logées plus en profondeurs, dû au changement du climat lumineux induit par la couche d'eau trouble.

Dans le **chapitre 5**, nous avons étudié la composition des communautés microbiennes de surface, qui se trouvent dans le premier demi-mètre d'eau, pendant la période dans laquelle les

fontes glacières croissent (début de l'été). Nous avons échantillonné le site 'TS' dans le Kongsfjorden (TS, figure 5.1) pendant quarante jours afin d'étudier la dynamique des communautés microbiennes dans le temps. Nous avons aussi échantillonné plusieurs lieux différents dans les deux fjords afin de comparer leurs compositions microbiennes. Finalement, nous avons déterminé quels facteurs environnementaux corrélaient avec les variations microbiennes.

Les analyses moléculaires ont révélé que la communauté micro-eucaryotique restait stable dans le temps à la location TS, tandis que la composition de la communauté bactérienne était variable. Les changements observés pour les bactéries coïncidaient avec une période dans laquelle la salinité était réduite et le taux sédimentaire accrut, donc une période dans laquelle la quantité d'eau de fonte était amplifiée.

Les modèles de DGGE générés pour les échantillons récoltés dans divers sites parmi les deux fjords, révèlent qu'ils abritent deux communautés microbiennes distinctes, aussi bien pour les eucaryotes que pour la fraction bactérienne. De plus, les communautés microbiennes provenant d'échantillons d'eau douce étaient totalement différentes de celles provenant d'eau de mer (fjord).

Nos résultats de séquençage sont les premières données moléculaires générées pour les microbes marins du Kongs-Krossfjorden. Pendant notre période d'échantillonnage la communauté micro-eucaryote était dominée par des dinoflagellés. L'absence de phytoplancton marin typique comme les diatomées et le *Phaeocystis* sp., était soit due au manque de nutriments essentiels, déjà consommés par une floraison phytoplanctonique antérieure ; ou alors ces espèces marines évitent la couche superficielle dont la salinité est fortement réduite et migrent vers des eaux plus profondes.

La communauté bactérienne était composée d'espèces typiques pour l'environnement marin polaire avec des *Alpha-*, *Gamma-Proteobactéries* et des *CFB*'s. De plus nos efforts de séquençage ont aussi révélé la présence d'espèces atypiques : les *Beta-Proteobactéries*, qui sont normalement des espèces d'eau douce. Les séquences de *β-Proteobactéries* retrouvées dans nos échantillons ressemblaient à des séquences préalablement décrites dans des eaux de fontes sub-glacières, provenant de glaciers échantillonnés en Alaska et en Antarctique. Étant donné que nous avons retrouvé ces séquences dans le milieu marin, nos résultats suggèrent que les fontes glacières peuvent être une source d'espèces microbiennes qui n'appartiennent pas à l'environnement marin.

L'analyse des facteurs environnementaux confirme le rôle des eaux de fonte : le facteur 'salinité' était significatif pour une partie de la variation des DGGEs. De plus, le facteur 'index sédimentaire' corrèle avec l'apparition et disparition de plusieurs bandes de DGGE dans l'étude temporelle.

Dans certains lieux polaires on observe déjà une recrudescence des fontes glacières enrichies en particules sédimentaires. Nos résultats indiquent que ces deux facteurs jouent un rôle important dans le remaniement des communautés microbiennes polaires. L'identification d'espèces 'non-marines' dans nos échantillons marins indique que les fontes glacières peuvent entraîner l'apparition de nouvelles espèces.

CONCLUSIONS

L'analyse moléculaire de nos échantillons polaires a révélé la présence d'espèces bactériennes typiques pour ces régions, parfois complétées par la présence d'espèces atypiques, celle-ci étant parfois causée par des facteurs abiotiques. En ce qui concerne les micro-eucaryotes, les diatomées étaient rares dans la plupart de nos échantillons, indiquant que nos échantillonnages eurent lieu en dehors des périodes de floraisons phytoplanctoniques ; ces échantillons étaient

alors dominés par des dinoflagellés. Ceci suggère que les dinoflagellés jouent un rôle important dans la chaîne alimentaire microbienne en dehors de périodes de grosses productions primaires. Ce groupe de dinoflagellés compte des espèces capables de photosynthèse, ainsi que des espèces consommatrices de bactéries (bactérovores) et de micro-eucaryotes. Ceci leur permet de jouer un rôle de recycleur. Certaines espèces de dinoflagellés sont mixotrophes : elles savent alterner la phototrophie (réaliser la photosynthèse) avec l'hétérotrophie (consommer des matières organiques: bactéries ou micro-eucaryotes). Cette flexibilité leur apporte apparemment un gros avantage dans les eaux polaires, tout comme dans les eaux tempérées.

Une des conséquences les plus importantes du changement climatique est la recrudescence des fontes des glaciers et des glaces marines. Lors de ces fontes deux scénarios peuvent avoir lieu :

(1). Dans le premier cas, la fonte des glaces marines (calotte glaciaire Arctique) et des glaciers flottants (icebergs inclus) induit une stratification de la colonne d'eau sans ajout sédimentaire. Cette situation signifie une surexposition à la lumière et aux radiations UV pour les organismes coincés dans les couches superficielles de la colonne d'eau. Lors d'une situation de stratification les communautés de micro-eucaryotes et de bactéries diffèrent en surface de celles localisées dans des couches d'eau plus profondes (**chapitre 4**). De plus les micro-eucaryotes répondent immédiatement aux changements d'état de la colonne d'eau (stratifiée-mélangée) tandis que les bactéries ont une réponse secondaire reliée aux changements de micro-eucaryotes. Le travail expérimental présenté dans le **chapitre 3** nous indique que les radiations UV peuvent avoir un effet significatif sur la composition des communautés bactériennes, alors que les micro-eucaryotes y sont apparemment insensibles.

Ces résultats nous permettent de conclure qu'en cas de 'stratification claire' de la colonne d'eau polaire les communautés de micro-eucaryotes répondront directement à une stratification ; tandis que les communautés bactériennes auront une réponse secondaire et seront en outre affectées par des radiations ultra-violettes accrues.

(2). Le second cas concerne une stratification de la colonne d'eau accompagnée d'une décharge importante de particules sédimentaires, ceci mène à une 'stratification trouble' de la colonne d'eau. Dans ce cas, la stratification aura un effet direct sur la communauté micro-eucaryotique et un effet indirect sur la communauté bactérienne (**chapitre 4**). De plus la composition de la communauté bactérienne changera à la suite de la recrudescence de particules sédimentaires, soit à la suite d'un apport nutritif relié aux propriétés géochimiques des particules sédimentaires, soit par l'apport de nouvelles espèces attachées aux particules sédimentaires (**chapitre 5**). L'eau de fonte et ses sédiments deviendront en ce cas une source de nouveaux-organismes bactériens et peut-être de micro-eucaryotes.

Nous pouvons en conclure qu'une recrudescence des fontes glaciaires aura un effet significatif sur la composition de micro-organismes marins polaires. La suite des recherches scientifiques sur ce sujet devraient inclure des analyses de productivité afin de déterminer si la productivité primaire du phytoplancton et la productivité bactérienne s'en trouveront affectées. Étant donné que ces organismes microscopiques ont un rôle si essentiel, la continuation de ce type de recherche est nécessaire afin de pouvoir prédire quelles seront les conséquences des changements climatiques en termes d'absorption de dioxyde de carbone, cycle du carbone, qualités nutritives et chaînes alimentaires des régions polaires côtières.

