

Résumé

En Antarctique, les cyanobactéries jouent un rôle primordial dans le fonctionnement de l'écosystème. Elles sont responsables d'une grande partie de la production primaire aussi bien dans les lacs que dans les habitats terrestres. De fait, les cyanobactéries sont souvent les organismes photosynthétiques les plus abondants. Elles forment des biofilms laminés dans le fond et sur les bords des lacs et des mares. On les trouve également format des tapis dans les zones terrestres où l'on peut trouver assez d'eau liquide disponible.

Les deux objectifs principaux de cette thèse sont :

- i) Augmenter les connaissances sur la diversité des cyanobactéries antarctiques des habitats lacustres et terrestres ainsi que leur profil de distribution globale et intra-antarctique.
- ii) Étudier les communautés cyanobactériennes fossiles, en reliant la structure de ces communautés à d'autres marqueurs pour comprendre les facteurs sous-jacents influençant leur distribution dans le passé.

En ce qui concerne le premier objectif, nous avons analysé 23 échantillons environnementaux provenant des Montagnes Transantarctiques, de la chaîne Shackleton, des montagnes Sør Rondane et des régions de Mc.Robertson Land et de Kemp Land (les collines Stilwell et la chaîne Chapman).

En ce qui concerne le deuxième objectif, nous avons procédé à l'étude de deux carottes sédimentaires provenant de deux lacs de l'Ile Beak (péninsule antarctique). Ces lacs se situaient sous le niveau de la mer pendant une période de l'Holocène. Après la déglaciation de la croûte continentale, l'île remonta et dépassa le niveau de la mer. De cette manière, des lacs d'isolation se formèrent. Ces lacs contiennent un registre paléolimnologique exceptionnel, qui peut permettre de reconstruire les changements dans les communautés des cyanobactéries et d'autres microorganismes.

Pour répondre à ces objectifs, nous avons utilisé une approche polyphasique dans la plupart des cas. Cette approche inclut des observations microscopiques des échantillons environnementaux et des souches isolées, l'analyse des pigments par HPLC et l'analyse des ADN extraits de ces échantillons à l'aide de techniques de biologie moléculaire. Pour ces dernières, sont inclus des bibliothèques de clones, des DGGEs et des profils ARDRA basés sur des gènes codant pour l'ARNr 16S. Les séquences de l'ARNr 16S sont comparées avec d'autres séquences des bases de données (BLAST, RDPII). Elles sont analysées à l'aide d'outils bioinformatiques comme Bioedit, Geneious, ARB et DOTUR ainsi que des programmes détectant des chimères. Ces séquences sont ensuite organisées en unités taxonomiques opérationnelles (OTUs), définies comme des

groupes de séquences des gènes codants pour l'ARNr 16S qui partagent plus de 97.5% de similitude.

Des méthodes d'analyse ont été développées dans le cadre de cette thèse:

- une nouvelle amorce (16S369F) a été testée pour améliorer la spécificité de l'amplification par PCR de l'ADN cyanobactérien.

- deux méthodes d'extraction d'ADN ont été développées et comparées pour essayer d'extraire un maximum d'ADN cyanobactérien des échantillons environnementaux, spécialement des morphotypes à gaines très épaisses.

- deux méthodes d'amplification isothermale ont été dessinées et comparées pour améliorer l'amplification de l'ADN fossile présent en faibles concentrations dans des carottes sédimentaires.

Les résultats globaux de cette thèse suggèrent un nombre relativement bas des OTUs potentiellement endémiques dans l'Antarctique (8 OTUs sur un total de 32). Par contre, l'étude des séquences des ITS montre un niveau d'endémicité plus élevé que celui obtenu par les gènes codant pour l'ARN 16S.

Ce sont dans les Montagnes Sør Rondane que nous avons trouvé le nombre le plus élevé d'OTUs potentiellement endémiques. Ces montagnes ont pu jouer un rôle de refuge durant les périodes de glaciations, hypothèse émise dans cette thèse. La plupart des OTUs décrits dans les chapitres de cette thèse ont montré une distribution restreinte à des zones particulières (les montagnes Sør Rondane, les montagnes Transtantarctiques et Shackleton ou les régions de Mc.Robertson et Kemp Lands). L'analyse des séquences présentes dans les bases de données montre que la diversité des cyanobactéries terrestres a été particulièrement bien étudiée dans seulement trois régions Antarctiques (Southern Victoria Land, les Montagnes Sør Rondane et l'île Alexander) alors que deux régions étaient très bien représentées pour les cyanobactéries lacustres (les régions déglacées à l'Est de l'Amery Ice Shelf et les vallées déglacées de South Victoria Land). Le reste de l'Antarctique reste encore peu étudié et plus de données sont nécessaires pour avoir une vision globale de la distribution des cyanobactéries dans ce continent.

Dans cette thèse, nous établissons une base de référence qui concerne la zone où la base polaire « Princesse Elizabeth » a été construite. Cela permettra l'étude des impacts futurs dus aux activités anthropogéniques dans la base et ses alentours.

Finalement, nous avons étudié des carottes sédimentaires provenant des lacs antarctiques. L'analyse des pigments montrait une concentration des caroténoïdes élevée pour la période climatique optimale de l'Holocène. L'étude de l'ADN fossile a révélé un changement dans la composition des OTUs pendant les 2-3 dernières décennies, peut-être en relation avec une augmentation de la température liée au changement climatique.