

Autant en emporte l'océan

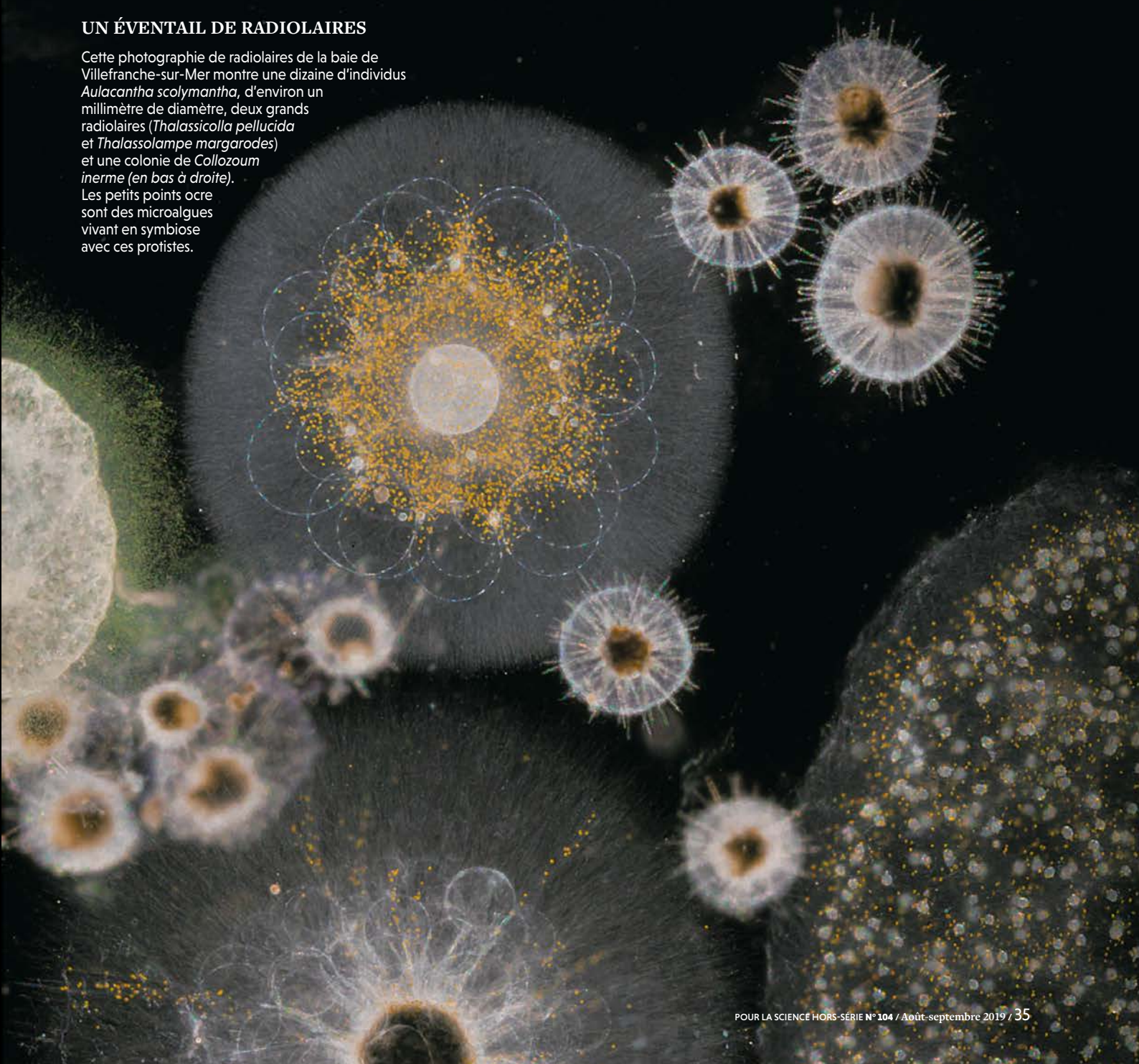


POISSON AU MENU

Cette méduse
Liriope a attrapé
un jeune poisson et
l'a mangé en partie.

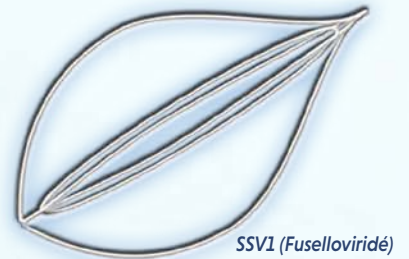
UN ÉVENTAIL DE RADIOLAIRES

Cette photographie de radiolaires de la baie de Villefranche-sur-Mer montre une dizaine d'individus *Aulacantha scolymantha*, d'environ un millimètre de diamètre, deux grands radiolaires (*Thalassicolla pellucida* et *Thalassolampe margarodes*) et une colonie de *Collozoum inerme* (en bas à droite). Les petits points ocre sont des microalgues vivant en symbiose avec ces protistes.



Les virus, piliers de la vie marine

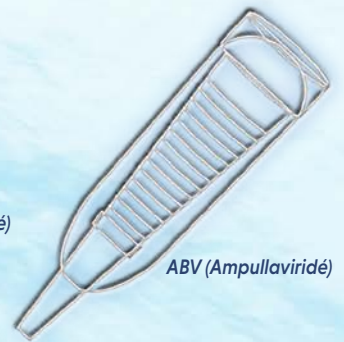
Abondants et variés – on n'en connaît sans doute qu'une infime partie –, les virus aquatiques sont des acteurs clés des écosystèmes marins.



SSV1 (Fuselloviridé)



SH1 (non classé)



ABV (Ampullaviridé)

E

n décembre 2013, après une odyssée de 938 jours, l'expédition scientifique *Tara Oceans* s'est achevée. Elle rapportait plusieurs milliers d'échantillons prélevés dans les océans du globe et dont l'analyse se poursuit encore. Pour preuve, en mai 2019, une étude dirigée par Matthew Sullivan, de l'université de l'État d'Ohio aux États-Unis, a porté de 16 000 à près de 200 000 le nombre de populations virales océaniques connues. Cette diversité va de pair avec une présence importante: les virus pullulent dans la mer. Souvenez-vous en quand vous boirez la tasse cet été!

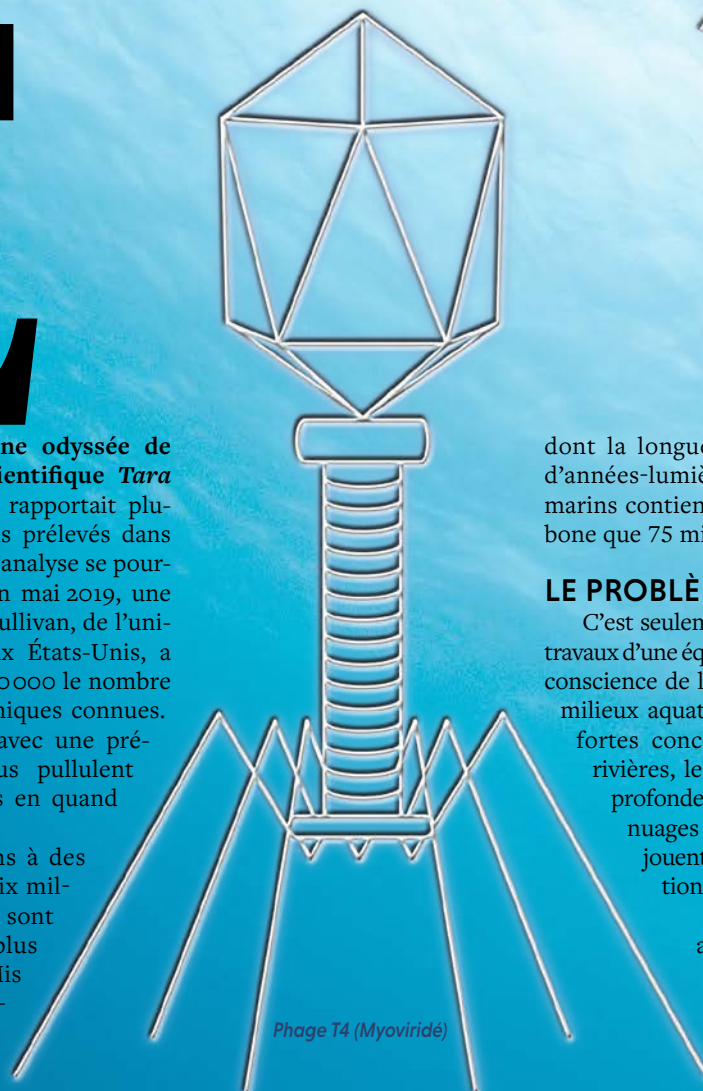
Présents dans les océans à des concentrations avoisinant dix millions par millilitre, les virus sont les entités biologiques les plus nombreuses sur la planète. Mis bout à bout, ils constitueraient un collier de perles

dont la longueur dépasserait dix millions d'années-lumière. Tous ensemble, les virus marins contiendraient plus d'atomes de carbone que 75 millions de baleines bleues.

LE PROBLÈME DE LA DIVERSITÉ

C'est seulement à partir de 1989, grâce aux travaux d'une équipe norvégienne, que l'on a pris conscience de l'abondance des virus dans des milieux aquatiques variés. On a mesuré de fortes concentrations dans les lacs, les rivières, les glaces ou les sédiments, des profondeurs océaniques jusque dans les nuages parfois, ce qui suggère qu'ils jouent un rôle important dans le fonctionnement de la biosphère.

S'intéressant de plus en plus aux virus aquatiques, les chercheurs sont confrontés aujourd'hui à une difficulté de taille: leur diversité, les



Phage T4 (Myoviridé)

L'ESSENTIEL

- Les virus sont les entités biologiques les plus abondantes et les plus variées des milieux aquatiques.
- Par des mécanismes de transfert de gènes et de pression de sélection, les virus jouent un rôle clef dans le fonctionnement des écosystèmes et le maintien de leur biodiversité.
- La diversité des virus et celle de leurs hôtes sont indissociables. Aujourd'hui, la compréhension de leurs interactions constitue un des enjeux de l'écologie aquatique.

LES AUTEURS



STÉPHAN JACQUET est directeur de recherche à l'Institut national de la recherche agronomique (Inra). Il travaille en écologie microbienne aquatique à Thonon-les-Bains.



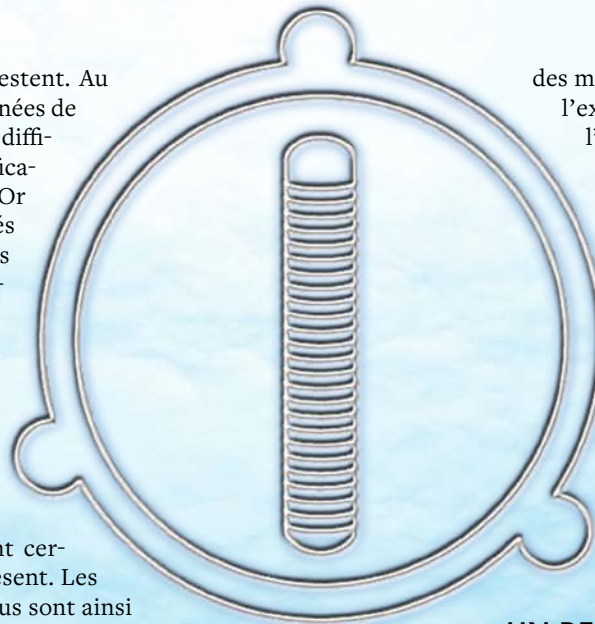
CAROLINE DEPECKER est journaliste scientifique.

derniers travaux de Tara en attestent. Au regard de cette diversité, les données de référence sont rares, ce qui rend difficiles l'identification et la classification des nouveaux échantillons. Or le nombre d'échantillons analysés a considérablement augmenté ces dernières années, grâce à la multiplication des expéditions. Malgré la performance des outils de biologie moléculaire, au mieux 30% des séquences génétiques virales examinées ont été identifiées.

Pour autant, les informations issues de ces analyses sont précieuses et bouleversent certains résultats admis jusqu'à présent. Les organismes colonisés par les virus sont ainsi bien plus variés que les espèces bactériennes pressenties. La forme et la taille de certains virus sont également surprenantes. Enfin, on commence à mesurer l'impact de la diversité virale sur le monde vivant. Grâce à divers mécanismes, comme la destruction d'une espèce dominante au profit d'espèces plus rares ou le transfert de gènes viraux vers l'hôte, les virus maintiennent la biodiversité des écosystèmes aquatiques et facilitent le brassage génétique.

Toutes les six à sept semaines pendant près de trois ans, des échantillons en provenance de la goélette *Tara* sont arrivés au Génomuscope d'Évry, où leur matériel génétique viral fut analysé. La mission du voilier consistait à arpenter les océans afin d'y prélever tout type d'organisme marin invisible à l'œil nu. Objectif de l'expédition: étudier divers écosystèmes planctoniques, notamment les interactions des différents microorganismes les uns avec les autres ainsi qu'avec leur environnement physico-chimique.

Simultanément, les programmes Ovid (*Ocean Virus Diversity*), de Matthew Sullivan, et *Tara-Girus*, de Hiroyuki Ogata, ont cartographié la géographie des diversités virales et



PSV (*Globuloviridé*)

des métabolismes associés tout au long de l'expédition. Ainsi, les résultats de l'étude de mai 2019 surprennent. Elle concerne des échantillons prélevés en 80 sites, jusqu'à 4000 mètres de profondeur.

Grâce à de nouvelles méthodes de séquençage des génomes viraux, les chercheurs ont analysé les variations génétiques entre les individus au sein de chaque population virale, entre les populations au sein de chaque communauté virale et enfin, entre les communautés à travers plusieurs environnements de l'océan mondial. Que révèlent ces variations?

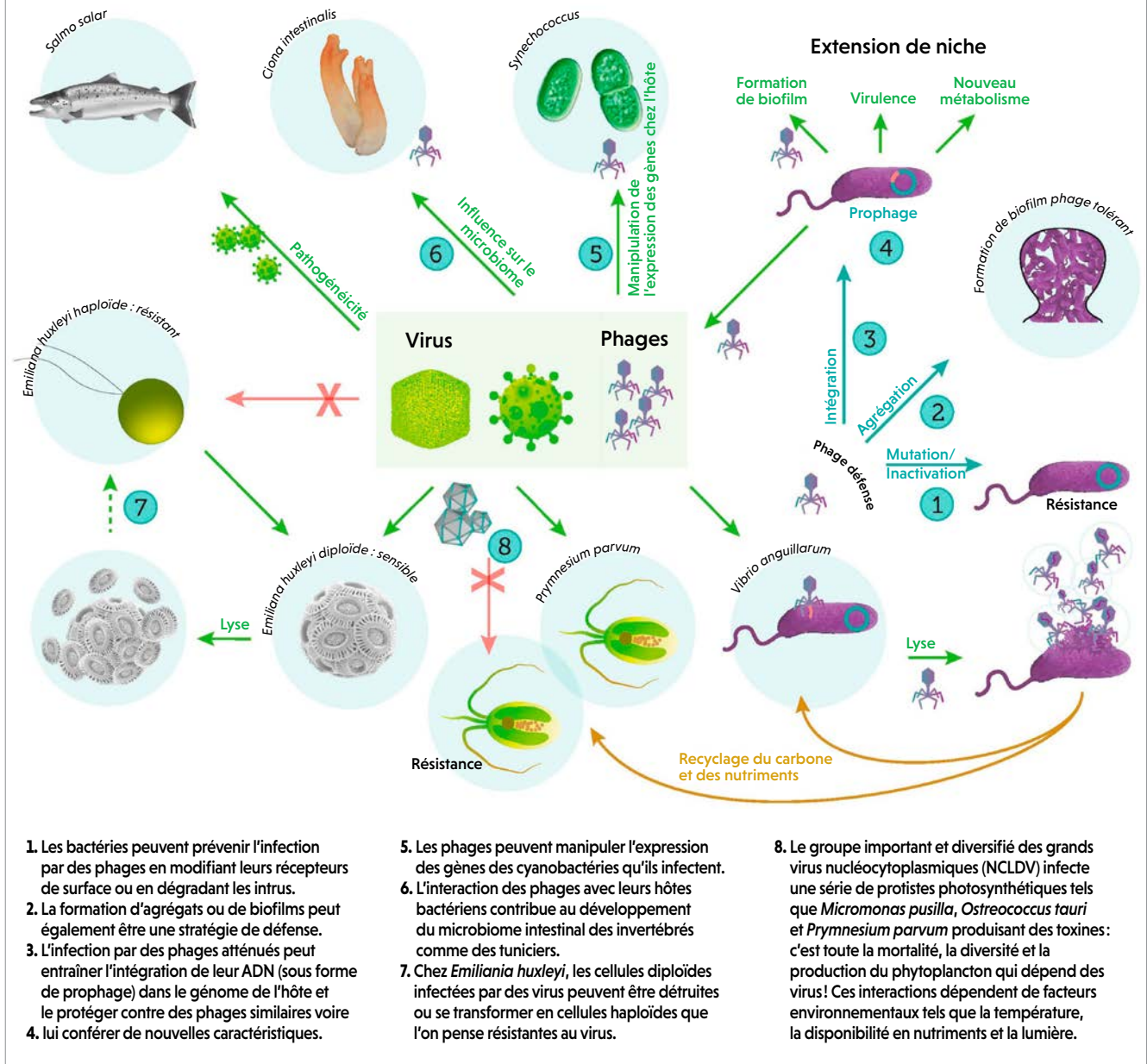
UN BERCEAU EN ARCTIQUE

D'abord, la quasi-totalité des communautés de virus se répartit en seulement cinq groupes, selon leur localisation et leur profondeur. Ensuite, la diversité virale mesurée dans l'océan Arctique déroge à la règle selon laquelle la diversité est maximale au niveau des tropiques et diminue à mesure que l'on se rapproche des pôles. Ce gradient se vérifie chez les organismes cellulaires et multicellulaires, mais pas chez les virus. L'océan Arctique, fortement impacté par le changement climatique, serait le «berceau» de leur biodiversité.

D'autres programmes scientifiques sont arrivés à des conclusions similaires. Achievées en 2009, les expéditions océanographiques du programme Pame (*Polar Aquatic Microbial Ecology*) étudiaient la diversité et la distribution de l'ensemble des microorganismes habitant les régions polaires: dans ces endroits, les résultats montrent que les virus sont abondants, diversifiés et produits chaque jour en quantité.

Le programme GOS (*Global Ocean Sampling*), initié par Craig Venter, continue d'analyser des échantillons recueillis jusqu'en 2010. Les derniers résultats publiés, en 2017, concernaient les virus de la mer ➤

PRINCIPALES INTERACTIONS ENTRE VIRUS ET HÔTES DANS L'ÉCOSYSTÈME MARIN



➤ Baltique. De nombreux bactériophages, ou « phages » (ces virus majoritaires à la surface de la planète infectent les bactéries et les archées), y ont été identifiés, ainsi que des virus de poissons. Les auteurs concluaient sur l'importance des virus dans la régulation de l'ensemble des populations de la Baltique, des bactéries jusqu'aux espèces eucaryotes les plus complexes.

Le programme GOS avait auparavant permis d'analyser par séquençage massif des échantillons d'eau de différentes mers et provinces océaniques telles que la mer Noire, la mer Méditerranée, la mer du Nord, ainsi que les océans Atlantique, Pacifique, Indien et Antarctique. En moyenne, on constate que

200 litres d'eau de mer contiennent plus de 5 000 virus différents.

La diversité virale aquatique est surprenante. En 2005, Mya Breitbart, de l'université de Californie, et ses collègues ont observé que 30 à 90% des séquences virales prélevées en zone côtière n'ont aucun homologue connu dans les bases de données génétiques existantes. Une autre équipe californienne, dirigée par Forest Rohwer, a peu après confirmé ce résultat et a proposé pour la première fois une vue d'ensemble de la diversité et de la répartition des virus marins.

À partir de 184 échantillons récoltés pendant dix ans jusqu'à 3 000 mètres de profondeur sur 68 sites différents (dans la mer des Sargasses,

le golfe du Mexique, les eaux côtières de la Colombie-Britannique et l'océan Arctique), ces scientifiques ont montré que plus de 91% des séquences virales obtenues étaient inconnues. Parmi elles apparaissaient de nombreux cyano-phages nouveaux (virus des cyanobactéries, une sous-classe de bactéries photosynthétiques) et des virus à ADN simple brin (virus dont les informations génétiques sont codées sur un seul brin d'ADN et non deux comme dans le génome des mammifères). Ainsi, selon leur estimation, la seule côte de Colombie-Britannique compterait quelque 129 000 génotypes différents (un génotype est l'ensemble des constituants génétiques caractéristiques d'un seul organisme) dans les remontées d'eaux froides. L'ensemble de ces travaux révèle l'ampleur de notre ignorance: ils suggèrent qu'il existerait plusieurs centaines de milliers de génotypes viraux différents.

Nos analyses soulignent une biodiversité tout aussi élevée en eau douce. Avec Michaël DuBow, de l'université Paris-Sud, à Orsay, nous étudions la diversité des virus «de type T7», un groupe majoritaire parmi les virus de bactéries à ADN double brin. Nous avons détecté, dans les eaux superficielles du lac d'Annecy, plus de 6 000 séquences génétiques différentes dans un même échantillon (une date, une profondeur), soit autant d'«espèces» virales potentielles.

UN JUMBO POUR AIDER LE CORAIL

L'énorme quantité d'informations issues de la biologie cellulaire et moléculaire a remis à plat nos connaissances sur les virus aquatiques. Tout d'abord, ils arborent des structures moléculaires bien plus variées qu'on ne l'imaginait. On connaissait surtout les bactériophages. De fait, aujourd'hui encore, plus de 90% des virus connus sont regroupés dans l'ordre des Caudovirus, c'est-à-dire des phages à ADN double brin. Cette configuration à ADN double brin est aussi celle de nombreux virus du phytoplancton que l'on a rassemblés en une famille, les Phycodnaviridés. Néanmoins, des virus à ARN et, plus récemment, d'autres à ADN simple brin, ont aussi été observés.

Parmi ces derniers, Bonaishi se révèle potentiellement intéressant. Le génome inhabituellement long (303 paires de bases) du phage récemment isolé dans la baie Van Phong, au Vietnam, lui vaut d'être dans la catégorie «phage Jumbo». Ce virus infecte les bactéries *Vibrio coralliilyticus*, pathogènes fréquents des algues *Symbiodinium*, hôtes photosynthétiques des coraux. D'où l'idée de soigner les récifs par phagothérapie.

On peut imaginer soigner des récifs coralliens infectés par des bactéries grâce à des virus

La littérature a essentiellement fait la part belle aux virus à ADN et aux phages. Mais on sait depuis une dizaine d'années que les virus à ARN sont aussi très abondants dans l'océan et jouent des rôles sûrement clés dans la dynamique, la distribution et la diversité du plancton.

Plusieurs études ont détecté de nombreux virus à ARN différents infectant le plancton, mais seuls quelques-uns ont été isolés et caractérisés, à cause de la lourdeur des techniques nécessaires. Plus récemment, la métagénomique, c'est-à-dire l'analyse du génome global de tous les microorganismes présents dans un échantillon (voir la figure page 41), a mis en lumière l'existence de virus appartenant à la superfamille des Picornaviridés, des minuscules virus à ARN longtemps passés inaperçus.

En 2006, une étude d'Alexander Culley, de l'université d'Hawaï, a indiqué qu'aucun des virus à ARN recueillis dans diverses eaux côtières n'appartenait à la longue liste des phages. Cette étude corroborait l'idée selon laquelle la plupart des virus à ARN ont pour hôtes non pas des procaryotes (bactéries ou archées), mais des eucaryotes, c'est-à-dire des organismes cellulaires à noyau bien différencié tels que les algues, les mollusques, les arthropodes, les poissons et les mammifères. De fait, la diversité virale observée ressemblait à celle de virus infectant des plantes ou des animaux terrestres, déjà connue et répertoriée dans les bases de données génomiques.

DES QUASI-ESPÈCES DE VIRUS

En 2019, Curtis Suttle, de l'université de Colombie-Britannique, au Canada, et ses collègues ont livré une importante quantité de données métagénomiques relatives à ce type de virus: ces informations constituent ainsi une base de référence pour les prochaines études des virus à ARN. Ils ont également découvert de nouveaux virus de la famille des *Marnaviridae*, la plus grande. Enfin, les études révèlent que les virus à ARN sont ubiquitaires de par le monde et sont, pour l'essentiel en cours de spéciation: les auteurs parlent de quasi-espèces.

En 2018, les travaux de Takuro Nunoura, de l'Agence japonaise pour la science et la technologie marines et terrestres (Jamstec), à Yokosuka, et de ses collègues ont mis en évidence la diversité des virus à ARN. Avec leur méthode inédite, ils ont révélé la part importante, et jusque-là sous-estimée, des virus à ARN inclus dans des cellules eucaryotes (leurs hôtes).

> La découverte des virus aquatiques à ADN simple brin est plus récente encore que celle des virus à ARN. Connue pour infecter les plantes et les animaux – surtout les oiseaux, le porc et les bovins –, cette catégorie virale joue un rôle économique important en détruisant les récoltes ou en infectant le bétail. En analysant la communauté virale de divers écosystèmes marins, des biologistes de l'université de San Diego, en Californie, ont identifié de tels virus en milieu aquatique, qui ressemblaient aux phages de la famille des Microviridés.

LES GÉANTS DES MERS

L'inventaire des virus marins ne serait pas complet sans les virus géants (ou girus) dont certains associent, à l'instar des cellules de mammifères, de l'ADN et de l'ARN. C'est le cas de *Marseillevirus*, isolé dans une amibe d'eau douce. Le génome de ce virus ressemble à une mosaïque de gènes issus des trois règnes du vivant : bactéries, eucaryotes et archées !

La plupart des virus aquatiques mesurent entre 30 et 60 nanomètres. Toutefois, depuis 16 ans, les girus ont fait exploser les critères de taille. Le premier, identifié en 2003 par l'équipe de Didier Raoult au cœur d'une amibe *Acanthamoeba polyphaga*, ressemblait tant à une bactérie, notamment par sa taille, qu'il fut nommé *Mimivirus* (pour *Mimicking Microbe Virus*). Depuis, les virus géants (*Mamavirus*, *Medusavirus*, *Tupanvirus*...) ont été retrouvés un peu partout dans le monde, dans divers types de milieux.

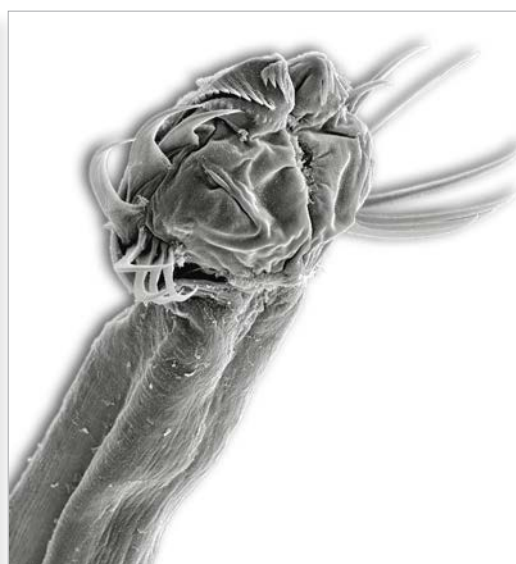
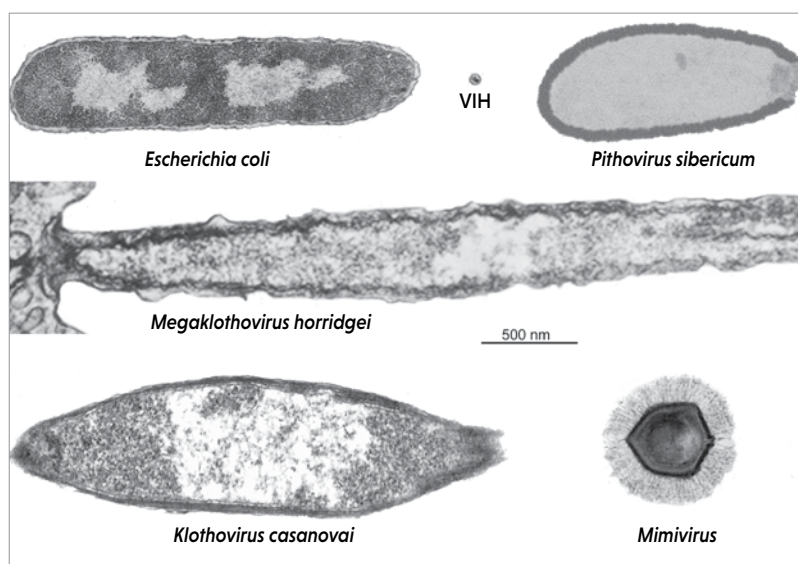
Ces girus se distinguent aussi par leur taille, bien supérieure à la « normale ». Le record fut

Depuis quelques années, un nouveau type de virus a été identifié : le virus de virus

quelques années détenu par *Megavirus chilensis*, isolé des eaux côtières du Chili en 2010 : son génome compte près de 1260 millions de paires de bases et le diamètre de sa capsid – son enveloppe – est de 440 nanomètres sans sa couronne de fibrilles (une bactérie compte entre 100 000 et plusieurs millions de paires de bases et mesure en général quelques micromètres, soit quelques milliers de nanomètres).

Le record de *Megavirus chilensis* a été battu en 2018, à l'occasion de la réanalyse de photographies de microscopie électronique des années 1980. C'est de cette façon que Brianna Bullard et George Shinn, de l'université du Nebraska, aux États-Unis, ont découvert les *Meelsvirus*, des virus de 1,25 micromètre de longueur, infectant les noyaux des cellules d'*Adhesigatta hispida*, des vers prédateurs du groupe des Chétognathes. Un an plus tard, dans des conditions similaires (une réinterprétation de microphotographies de 1967, déjà révisées en 2003), Roxane-Marie Barthélémy, de l'université d'Aix-Marseille et ses collègues mirent au jour deux virus fusiformes qui infectent les cellules d'autres Chétognathes : *Klothovirus casanovai* de 3,1 micromètres de longueur et *Megaklothovirus horridgei* de plus de 3,9 micromètres (la photographie est tronquée). C'est deux fois la longueur de la bactérie *Escherichia coli* (voir la figure ci-dessous) ! Ces trois énormes virus sont de rares exemples de girus infectant des animaux pluricellulaires.

Les premiers Pandoravirus, d'autres virus géants, avaient été découverts en 2013, par l'équipe de Chantal Abergel et Jean-Michel



Depuis une quinzaine d'années, on découvre des virus géants. En voici quelques spécimens comparés à la bactérie *Escherichia coli* et à un virus « classique » (le VIH). *Pithovirus sibericum*, découvert en 2014, infecte les amibes. *Megaklothovirus horridgei* et *Klothovirus casanovai* repérés en 2019, sont les hôtes de vers marins Chétognathes (à droite, une tête de *Spadella cephaloptera*).

Claverie: *Pandoravirus salinus*, près des côtes chiliennes, à l'embouchure de la rivière Tunquen et *Pandoravirus dulcis*, près de Melbourne, en Australie. D'environ un micromètre de longueur, ils sont visibles au microscope optique, et contiennent jusqu'à 2 500 gènes! Leur nom évoque la boîte de Pandore mythologique, car leurs caractéristiques balaient tout ce que l'on croyait savoir des virus, et certains y voient même une nouvelle forme de vie.

En 2018, la famille s'est agrandie avec trois autres pandoravirus mis au jour: *Pandoravirus macleodensis* à nouveau près de Melbourne, *Pandoravirus neocaledonia* à proximité de Nouméa, en Nouvelle Calédonie et *Pandoravirus quercus* à Marseille. Selon les découvreurs, avec leurs génomes géants aux nombreux gènes sans équivalent, les pandoravirus seraient des fabriques à nouveaux gènes, qui apparaissent par hasard et qui sont donc différents d'une souche à une autre.

LES VIRUS DE VIRUS

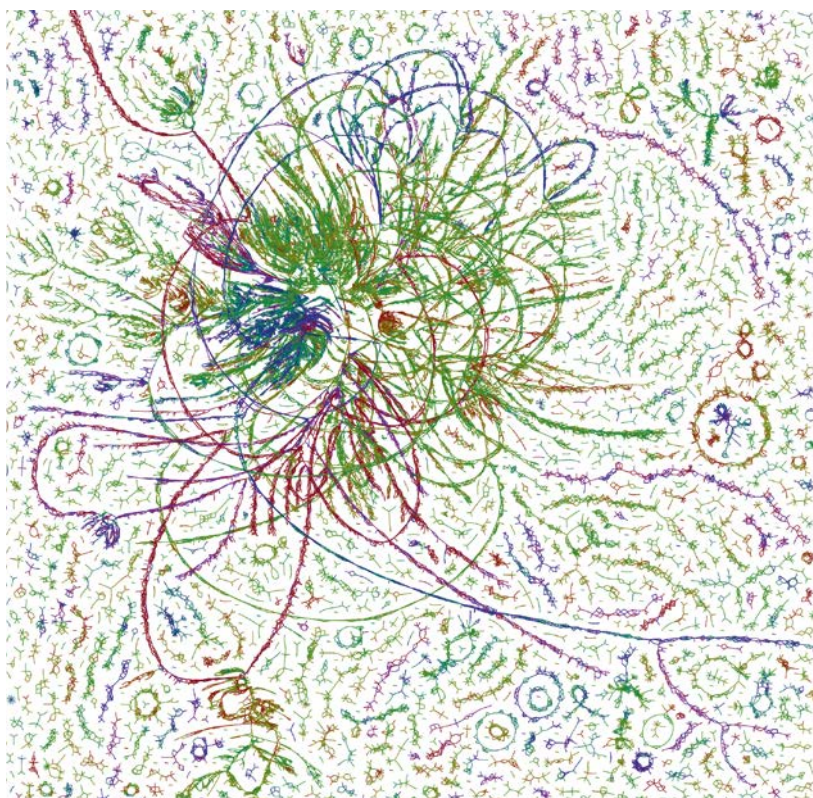
Les virus géants présentent d'autres particularités. D'une part, contrairement aux virus «classiques», certains, comme *Mimivirus*, ne détournent pas la machinerie cellulaire de l'hôte pour que celui-ci synthétise les protéines nécessaires à leur multiplication. Leur génome contient des gènes qui leur permettent d'assurer cette fonction. D'autre part, ce type de virus peut lui-même être infecté par un autre virus. Depuis peu en effet, un nouveau type de virus a été identifié: le virus de virus.

Le premier de ce genre, *Spoutnik*, a été trouvé dans *Mamavirus*, dont il empêche le développement normal, mais dont le matériel génétique lui est nécessaire pour proliférer. De même qu'un bactériophage infecte une bactérie, ce pathogène fut le premier membre d'une catégorie virale inédite: les virophages.

En 2011, Matthias Fischer, de l'université de Colombie-Britannique, a découvert *Mavirus*, un virus du virus *CroV* (*Cafeteria roenbergensis virus*) qui infecte l'organisme marin *Cafeteria roenbergensis*.

La présence de séquences génétiques associées au virus *Spoutnik* dans des échantillons d'eau de mer, mise en évidence par l'équipe de Didier Raoult, suggère que cette interaction virale originale n'est pas un cas isolé. Les biologistes se penchent à présent sur l'interaction du plancton marin, des virus géants et de leurs propres virus parasites.

Les virus se distinguent aussi par la diversité de leurs formes. Leur étude par microscopie électronique a montré, dans les systèmes aquatiques, la prédominance des phages à ADN double brin, constitués d'une tête icosaédrique (à 20 faces) et d'une queue de longueur variée. Néanmoins, dans les milieux hypersalés ou les sources géothermales, les virus d'archées



Représentation imagée du métagénome d'un échantillon marin. Chaque chaîne représente une séquence ADN reconstituée par analyse génomique. Les longues chaînes représentent des séquences de procaryotes, et les petites circulaires, des séquences de virus ou de plasmides (des molécules d'ADN autres que l'ADN chromosomique, chez les bactéries).

prennent des formes inhabituelles. Bouteilles, ampoules, gouttes, épines, billes, filaments, à une ou deux queues... D'ailleries, les dizaines de virus isolés et décrits sont regroupées en quelques familles selon leur forme.

VIRUS ET HÔTES COÉVOLUENT

La diversité des virus aquatiques suscite de nombreuses questions sur l'histoire évolutive des virus et celle de leurs hôtes. Quand et comment les virus sont-ils apparus? La spécificité des virus pour leurs hôtes s'est-elle forgée avant ou après la séparation, sur l'arbre de l'évolution, des règnes du vivant? On a en effet constaté que généralement, chaque type de virus a un hôte privilégié et, inversement, que chaque procaryote est la cible d'un virus particulier. Notamment, ils n'infectent pas des organismes des autres règnes du vivant. L'étude phylogénique des virus aquatiques, de leur diversité et de ses liens avec la diversité du vivant apporte des pistes de réponses.

Tout d'abord, des similitudes (des protéines de la capsid identiques, par exemple) ont été observées chez les virus infectant les trois règnes du vivant, ce qui suggère que les virus existaient avant la divergence de ces règnes. Au cours de l'émergence de ces trois domaines du vivant, des virus auraient été sélectionnés et auraient ensuite coévolué avec leurs hôtes. Trois populations virales auraient ainsi connu en parallèle des histoires différentes, associées à celles des trois domaines du vivant.

© Vaughn Iverson, université de Washington

> Plusieurs mécanismes permettent cette coévolution des virus et de leurs hôtes et, de façon plus générale, lient étroitement diversité virale et diversité du vivant. Les deux principaux sont la pression de sélection qu'exercent les virus sur les populations de procaryotes (bactéries et archées), et le transfert de gènes.

Un milieu donné comporte divers procaryotes dont le nombre fluctue en fonction de la pression de sélection exercée par les virus et ce, de diverses façons. En « tuant le meilleur », c'est-à-dire en parasitant l'espèce la plus compétitive (qui est souvent la plus abondante) dans un écosystème donné, les virus laissent vacante une niche écologique où les espèces plus rares – moins compétitives pour les ressources nutritives, notamment – peuvent alors se développer. Celles-ci profitent encore des éléments nutritifs relargués lors de la destruction cellulaire des espèces dominantes – la lyse virale. Enfin, la lyse libère des enzymes qui perturbent les cellules, détruisant les espèces les plus sensibles. La conjonction de ces effets accroît la diversité cellulaire et, par là même, celle des fonctions codées dans les génomes du milieu.

À Thonon-les-Bains, nous avons illustré ces différents processus lors d'expériences consistant à augmenter ou réduire le nombre de virus bactériophages ou cyanophages au sein

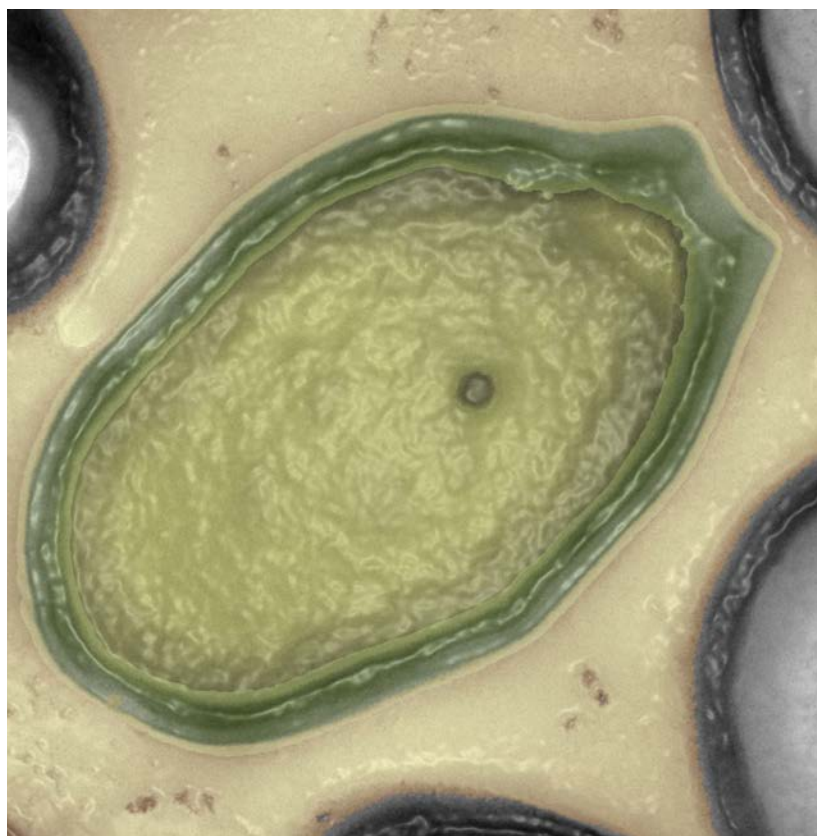
d'échantillons. Ces variations ont eu un impact mesurable sur le nombre de populations de microorganismes, planctoniques notamment. Elles ont aussi modifié la quantité de matière organique libérée sous forme de carbone ou de phosphore, ou encore la structure de la communauté bactérienne et la proportion de bactéries dites lysogéniques. Ces bactéries portent un virus « dormant », c'est-à-dire qui ne se réplique pas, mais qui peut se « réveiller » à tout moment en fonction de son environnement.

TRANSFERT DE GÈNES

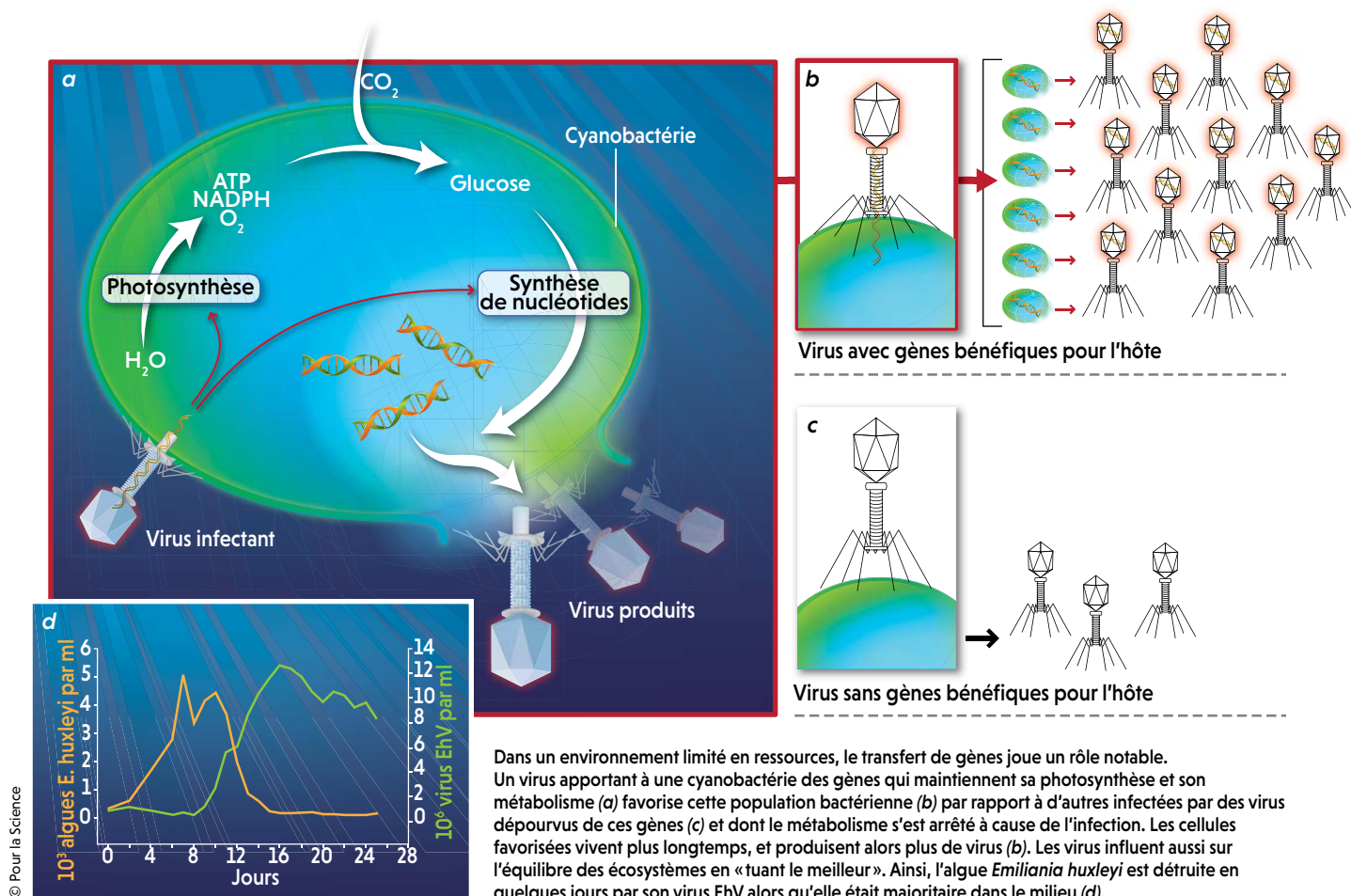
Un autre mécanisme important par lequel la biodiversité virale influence le vivant est le transfert de gènes entre espèces. Un virus dormant dans un procaryote ou un eucaryote peut intégrer son matériel génétique dans celui de son hôte. Cette intégration confère au receveur de nouvelles propriétés, en général une plus grande résistance et une protection contre l'infection par d'autres virus, mais aussi des propriétés métaboliques, morphologiques, immunogénétiques, voire pathogènes inédites. C'est ainsi que la bactérie responsable du choléra, *Vibrio cholera*, a acquis sa toxicité grâce à un gène d'origine virale, tout comme *Corynebacterium diphtheria* (diphthérie) et *Clostridium botulinum* (botulisme). De même, la syncytine, une protéine d'origine virale, semble indispensable à la formation du placenta des mammifères. Le transfert de gène a ici eu un effet positif.

En milieu aquatique, le transfert de gènes entre les cyanobactéries et leurs virus, les cyanophages, est particulièrement intéressant. Au fil de leur évolution, les cyanophages ont assimilé dans leur génome de nombreux gènes – probablement récupérés chez leurs hôtes – qui codent des composants clefs de l'appareil photosynthétique bactérien. Exprimés pendant l'infection, ces gènes assurent que la photosynthèse et d'autres fonctions de la cyanobactérie perdurent pendant la réplication des virus, alors que les protéines bactériennes dont c'était le rôle en temps normal sont devenues inopérantes. Le maintien de l'activité photosynthétique profite au phage : il peut continuer à utiliser la machinerie cellulaire de son hôte pour se répliquer jusqu'au dernier moment, lorsque la bactérie, gorgée de virus, explose.

Bien qu'aléatoire (il dépend de la rencontre d'un virus et de son hôte), ce processus est très répandu chez les procaryotes. En 1998, Sunny Jiang et John Paul, de l'université de Californie à Irvine, aux États-Unis, évaluaient à 10^{14} le nombre de transductions virales (transferts de gène) ayant lieu chaque année dans la seule baie de Tampa, le long du golfe du Mexique sur la côte Ouest de la Floride. Et en 2009, Forest Rohwer et Rebecca Vega-Thurber, de l'université d'État de San Diego, en Californie, avançaient le



Les pandoravirus, en forme d'outre, sont parmi les virus aquatiques les plus déconcertants. Géants parmi les géants, ils produisent au hasard de nombreux gènes, indépendamment. Sont-ils une nouvelle forme de vie ?



nombre de 10^{24} pour l'ensemble des océans, selon une évaluation prenant en compte les concentrations bactériennes et virales connues, la probabilité de rencontre de l'hôte et du virus ou encore les conditions environnementales.

Ce mécanisme de transfert génétique n'est pas l'apanage des procaryotes. Il existe aussi, dans une moindre mesure, chez les eucaryotes. Les virophages semblent d'ailleurs aussi participer au transfert de matériel génétique chez ces organismes: *Mavirus*, le virus du virus *CroV* découvert en 2011, pourrait être à l'origine des transposons, ces fragments d'ADN capables de se déplacer et de se multiplier de façon autonome dans un génome eucaryote.

DES ABYSES ENCORE INEXPLORÉS

Aujourd'hui, il n'est plus possible d'ignorer le rôle des virus dans les écosystèmes aquatiques. Par leurs activités régulatrices des populations, ou grâce à l'action indirecte de leurs gènes, les virus aquatiques, de par leur nombre et leur diversité, contribuent de façon essentielle à la biodiversité en augmentant la variabilité génétique des microorganismes. Ce faisant, ils participent à la régulation du fonctionnement écologique de la planète et à ses

BIBLIOGRAPHIE

- A. GREGORY ET AL., Marine DNA viral macro- and micro-diversity from pole to pole, *Cell*, vol. 177, pp. 1-15, 2019.
- R.-M. BARTHÉLÉMY ET AL., Serendipitous discovery in a marine invertebrate (*Phylum Chaetognatha*) of the longest giant viruses reported till date, *Virology: Current Research*, 2019.
- M. LEGENDRE ET AL., Diversity and evolution of the emerging Pandoraviridae family, *Nature Communications*, vol. 9, Art. 2285, 2018.
- L. JACQUEMOT ET AL., Therapeutic Potential of a New Jumbo Phage That Infects *Vibrio coralliilyticus*, a Widespread Coral Pathogen, *Front. Microbiol.*, 02501, 2018.
- M. VLOK ET AL., Marine RNA virus quasispecies are distributed throughout the oceans, *mSphere*, vol. 4, e00157-19, 2018.

changements évolutifs. Ils prendraient même part à la régulation climatique: en recyclant la matière organique présente dans les océans, ils modifient le flux de carbone qui y transite, notamment son transfert vers le fond, et influent *in fine* sur la quantité de gaz carbonique que ces derniers absorbent ou rejettent dans l'atmosphère.

La compréhension de leur impact réel sur l'environnement et de leur rôle dans l'évolution du vivant n'en est qu'à ses débuts... de même que l'étude de leur diversité. Le volume des océans est tel que seule une infime proportion a été explorée à ce jour. Au-delà de 200 mètres de profondeur, les sous-marins scientifiques n'ont visité que l'équivalent de la région parisienne. Qu'y a-t-il dans les milliards de mètres cubes restant à explorer? Près des sources froides d'où s'échappe le méthane, où des écosystèmes se constituent, ou dans les fumeurs chauds et noirs, des cheminées hydrothermales riches en sulfure d'hydrogène? Ou encore près des coraux profonds que l'on commence à découvrir et des monts sous-marins inexplorés? Et même dans les sédiments où les virus, prédateurs majeurs des grands fonds, s'accumulent aussi au fil du temps et restent actifs pendant des milliers d'années? ■

Les bactéries qui aiment le plastique

Maria-Luiza Pedrotti explore le monde inconnu des bactéries mangeuses de plastique. Ces microorganismes abondent dans les vortex de déchets flottant à la surface des océans. Pourront-elles en venir à bout ?

La vue depuis la proue de la goélette *Tara* tandis qu'elle affronte les grands vents du Pacifique.