

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.



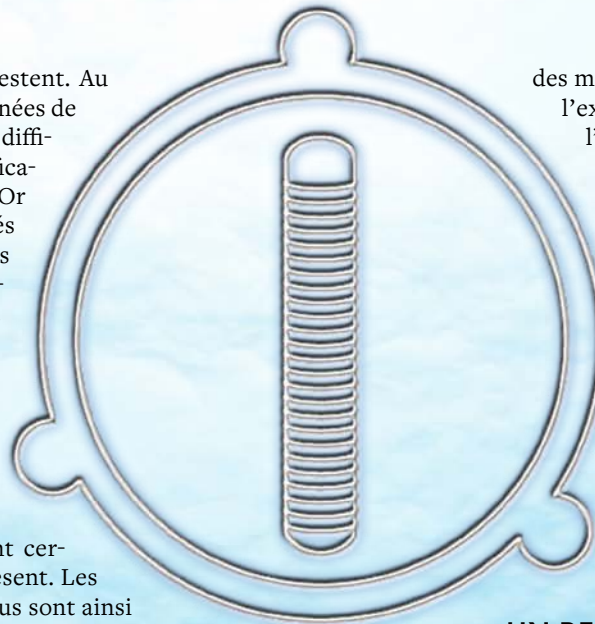
CAROLINE DEPECKER est journaliste scientifique.

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 Génomscope 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?

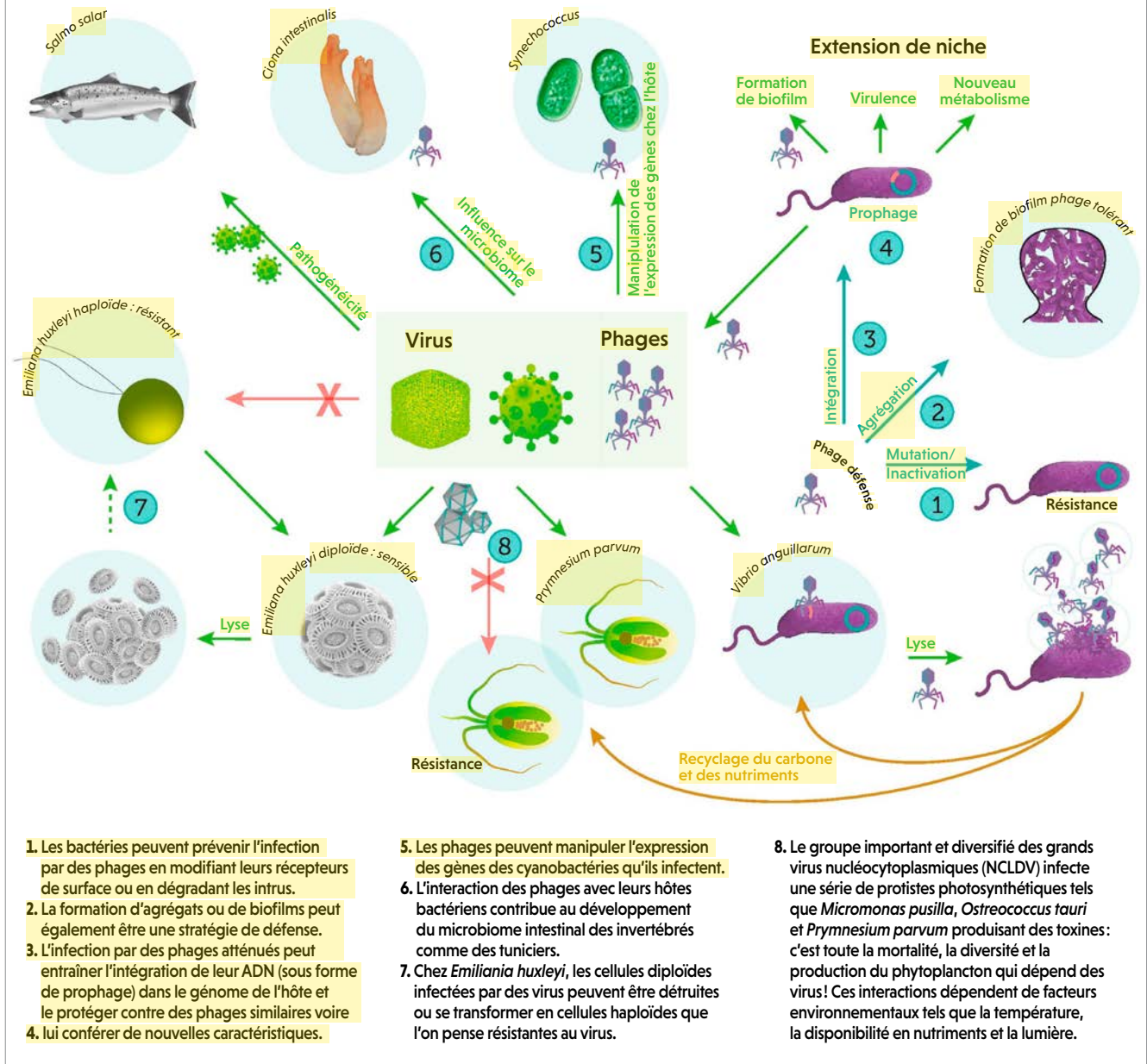
UN BERCEAU EN ARCTIQUE

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,