

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 129000 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 6000 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).