

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).

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

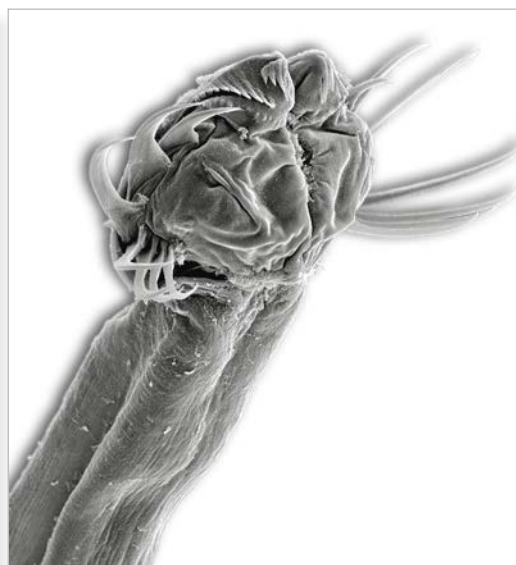
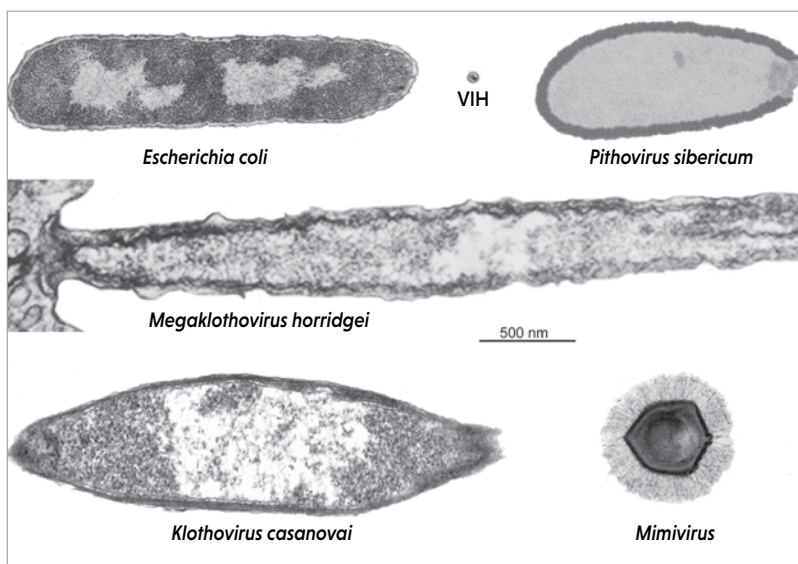
Depuis quelques années, un nouveau type de virus a été identifié : le virus de virus

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*).