

> 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.

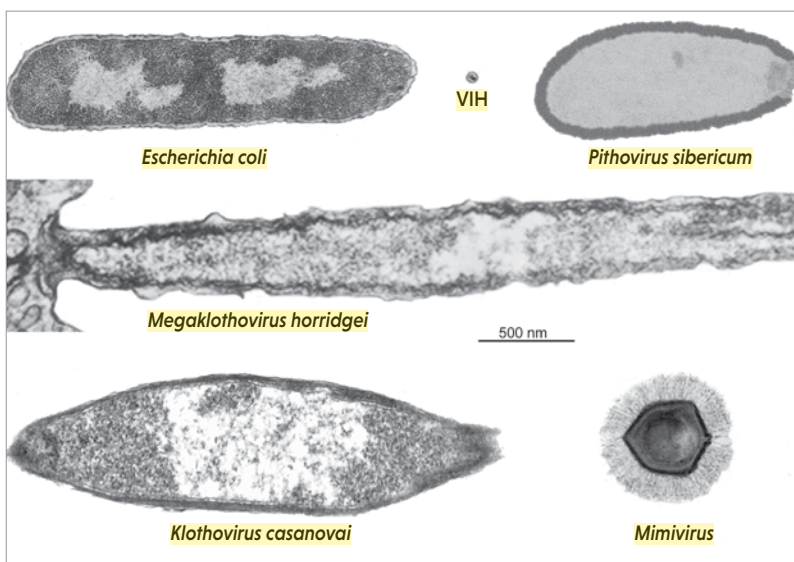
Ces girus se distinguent aussi par leur taille, bien supérieure à la « normale ». Le record fut

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*).

Clavierie: *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

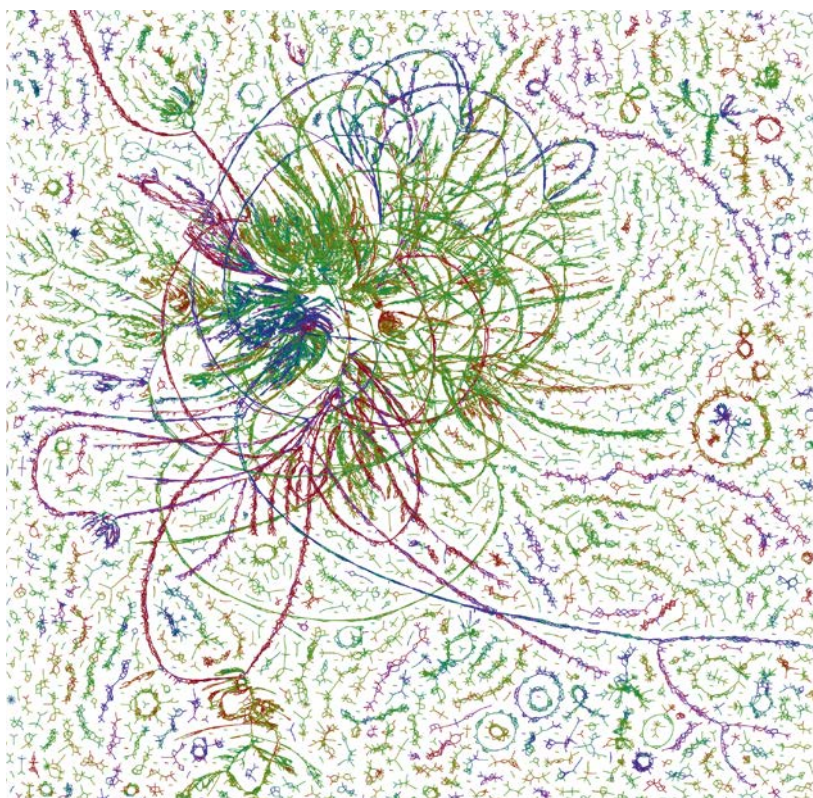
Les virus géants présentent d'autres particularités. D'une part, contrairement aux virus «classiques», certains, comme *Mimivirus*, ne détournent pas la machinerie cellulaire de l'hôte pour que celui-ci synthétise les protéines nécessaires à leur multiplication. Leur génome contient des gènes qui leur 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