

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

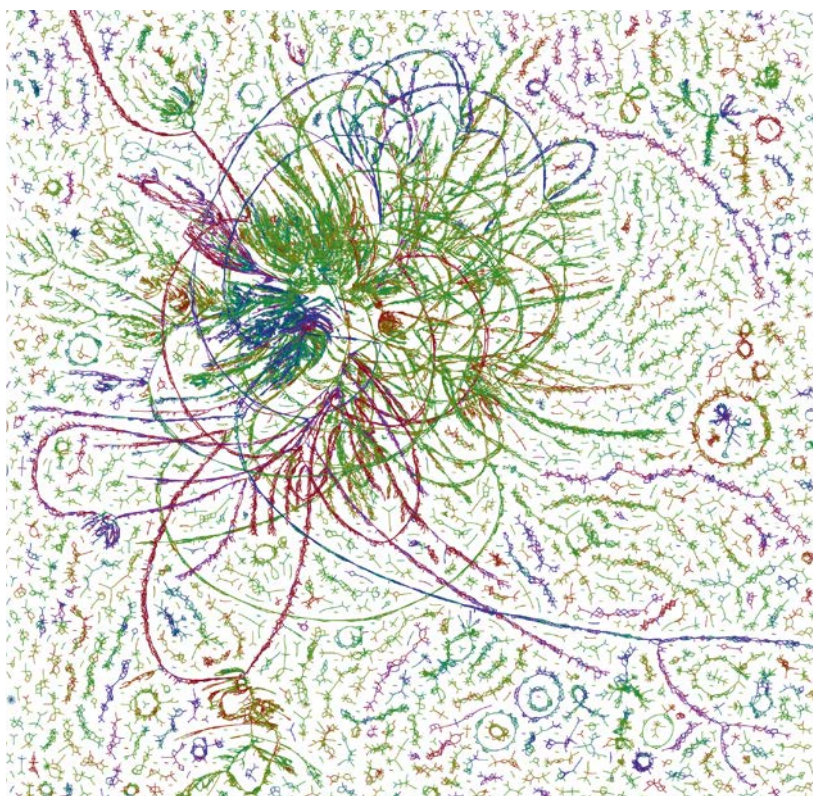
Les virus géants présentent d'autres particularités. D'une part, contrairement aux virus «classiques», certains, comme *Mimivirus*, ne détournent pas la machinerie cellulaire de l'hôte pour que celui-ci synthétise les protéines nécessaires à leur multiplication. Leur génome contient des gènes qui leur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



© Vaughn Iverson, université de Washington

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.

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

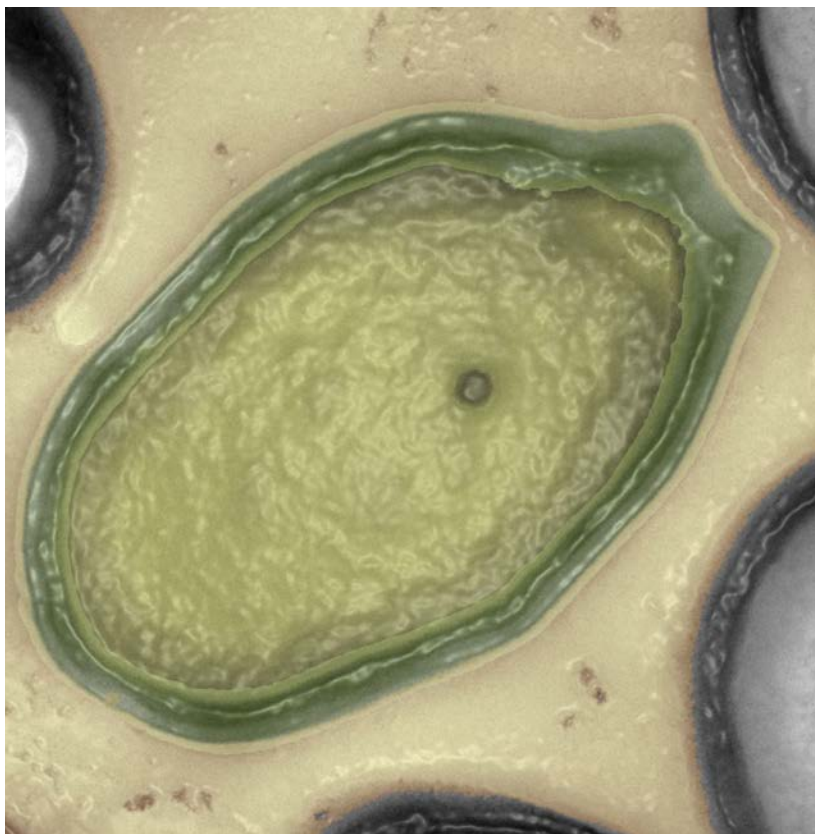
d'échantillons. Ces variations ont eu un impact mesurable sur le nombre de populations de microorganismes, planctoniques notamment. Elles ont aussi modifié la quantité de matière organique libérée sous forme de carbone ou de phosphore, ou encore la structure de la communauté bactérienne et la proportion 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* (diphtérie) 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 répllication 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 ?