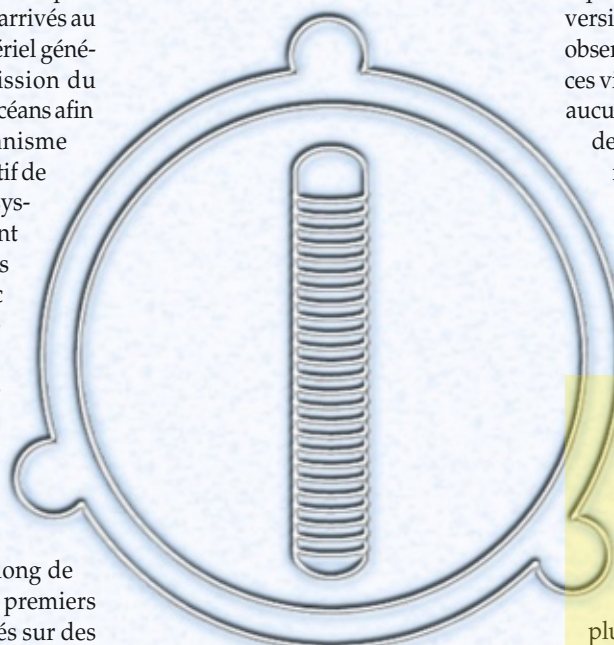


d'espèces plus rares ou le transfert de gènes viraux vers l'hôte, les virus maintiennent la biodiversité des écosystèmes aquatiques et facilitent le brassage génétique.

Toutes les six à sept semaines pendant près de trois ans, des échantillons en provenance de la goélette *Tara* sont arrivés au Génoscope d'Évry, où leur matériel génétique viral est 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 micro-organismes 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 des métabolismes associés tout au long de l'expédition. Les résultats des premiers séquençages génétiques réalisés sur des échantillons en provenance d'une station de prélèvement suggèrent la présence de nouveaux virus bactériens en très grand nombre et d'un virus géant (ou girus) d'un type inédit.

Dans toutes les mers du globe

D'autres programmes scientifiques en cours arrivent aux mêmes conclusions dans diverses régions du globe. Achievées en 2009, les expéditions océanographiques du programme PAME (*Polar Aquatic Microbial Ecology*) étudient la diversité et la distribution de l'ensemble des micro-organismes habitant les régions polaires : dans ces endroits également, les premiers résultats montrent que les virus sont abondants, diversifiés et sont produits chaque jour en quantité. Le programme GOS (*Global Ocean Sampling*), quant à lui, lancé en 2003 et toujours en cours, a déjà 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 Baltique, la mer du Nord, ainsi que les océans Atlantique, Pacifique, Indien et Antarc-



PSV (Globuloviridé)

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.

Pour la Science

tique. En moyenne, on constate que 200 litres d'eau de mer contiennent plus de 5000 virus différents.

De précédents programmes ont déjà révélé l'étendue de la diversité virale aquatique. En 2005, Mya Breitbart, de l'Université de Californie, et ses collègues ont observé que 30 à 90 pour cent des séquences virales prélevées en zone côtière n'ont aucun homologue connu dans les bases de données génétiques existantes. Ce résultat a été confirmé peu après par une autre équipe californienne, dirigée par Forest Rohwer, qui 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 3000 mètres de profondeur sur 68 sites différents (dans la mer des Sargasses, le golfe du Mexique, les eaux côtières de la Colombie-Britannique et l'océan Arctique), ces scientifiques ont montré que plus de 91 pour cent des séquences virales obtenues étaient inconnues. Parmi elles apparaissaient de nombreux cyanophages 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 129 000 génotypes différents (un génotype est l'ensemble des constituants génétiques caractéristiques d'un seul organisme) dans les remontées d'eaux froides. Ces travaux révèlent l'ampleur de notre ignorance : ils suggèrent qu'il existerait plusieurs centaines de milliers de génotypes viraux différents.

Dans une moindre mesure, nos propres analyses, *via* l'utilisation du séquençage à

1. QUELQUES VIRUS AQUATIQUES, représentés d'après leur observation en microscopie électronique. Les phages (*page ci-contre en bas*) sont les plus répandus. Plus ou moins allongée, leur tête icosaédrique (à 12 faces triangulaires) se prolonge par une queue de longueur variable. Ils s'arriment aux bactéries qu'ils infectent au moyen de leurs « pattes ».

haut débit, soulignent aussi une biodiversité élevée en eau douce. Dans le cadre d'une collaboration avec Michael 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 de génotypes ou « espèces » virales potentielles.

Des virus à ARN, à un brin d'ADN ou mixtes

L'énorme quantité d'informations issues de la biologie cellulaire et moléculaire a permis, ces dix dernières années, une remise à plat de 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 virus bactériophages – ou « phages » –, majoritaires à la surface de la planète, qui infectent les bactéries et les archées (micro-organismes qui, comme les bactéries, sont unicellulaires et sans noyau, et représentent un des trois règnes du vivant). De fait, aujourd'hui encore, plus de 90 pour cent 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.

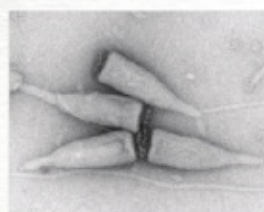
Les virus à ARN ont été découverts entre 2000 et 2006. Plusieurs études ont détecté de nombreux virus à ARN différents infectant le plancton, mais seuls quelques-uns ont été isolés et caractérisés, à cause de la lourdeur des techniques nécessaires. Plus récemment, la métagénomique, c'est-à-dire l'analyse du génome global de tous les micro-organismes présents dans un échantillon d'eau de mer, 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 publiée par Alexander Culley, de l'Université de Hawaï, a indiqué qu'aucun des virus à ARN recueillis dans diverses eaux côtières n'appartenait



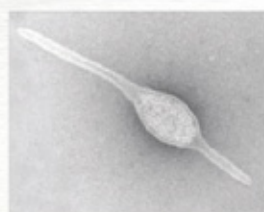
PHAGE

FAMILLE : Myoviridés
HÔTE : bactéries et archées
TAILLE : 200 nm (queue comprise)
MILIEU : mers et lacs
GÉNOME : ADN double brin



ABV

FAMILLE : Ampullaviridés
HÔTE : archées sulfobales
TAILLE : 200 nm
MILIEU : hypersalé, chaud, acide
GÉNOME : ADN double brin



ATV

FAMILLE : Bicaudaviridés
HÔTE : archées sulfobales
TAILLE : 100 nm (corps)
MILIEU : hypersalé, chaud, acide
GÉNOME : ADN double brin



AFV1

FAMILLE : Lipothrixiviridés
HÔTE : archées sulfobales et thermoprotéales
TAILLE : 200 nm
MILIEU : sources hydrothermales
GÉNOME : ADN double brin

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 et était déjà connue et répertoriée dans les bases de données génomiques.

La découverte des virus aquatiques à ADN simple brin est encore plus récente. 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 par métagénomique la communauté virale de divers écosystèmes marins, des biologistes de l'Université de San Diego ont identifié, il y a six ans, de tels virus en milieu aquatique, qui ressemblaient aux phages de la famille des Microviridés.

Plus récemment, en 2009, d'autres virus à ADN simple brin de la famille des Circoviridés ont été trouvés dans les eaux douces d'un lac en Antarctique : ils dominent la communauté virale au printemps, lors de la fonte des glaces, quand les eucaryotes – leurs hôtes potentiels – sont les plus abondants. À la fin de l'été, ils sont d'ailleurs l'une des deux populations majoritaires, avec les bactéries, ce qui suggère qu'ils jouent un rôle primordial dans l'équilibre des écosystèmes en contrôlant certaines populations eucaryotes.

Enfin, certains virus géants associent, à l'instar des cellules de mammifères, de l'ADN et de l'ARN. C'est le cas de *Marseillevirus*, isolé il y a trois ans 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.

Comme ses cousins girus (*Mimi*-, *Mama*-, *Mega*-, *LausanneVirus*, *CroV*), *Marseillevirus* se distingue aussi par sa taille, bien supérieure à la « normale » : son génome est le sixième plus grand génome viral séquencé (368 000 paires de bases) et son diamètre est d'environ 250 nanomètres. Aujourd'hui le record est 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 –