

Ces variations ont eu un impact mesurable sur le nombre de populations de micro-organismes, 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.

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.

Des gènes transférés du virus à l'hôte

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 clés 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 réplication des virus, alors que les protéines bactériennes dont c'était le rôle en temps normal sont devenues

✓ BIBLIOGRAPHIE

S. Jacquet *et al.*, Viruses in aquatic ecosystems : Important advancements of the last 20 years and prospects for the future in microbial oceanography and limnology, *Advances in Oceanography and Limnology*, vol. 1, pp. 71-101, 2010.

A. Bize *et al.*, Les archéovirus, *Virologie*, vol. 14, n° 2, pp. 101-117, 2010.

M. G. Fischer *et al.*, Giant virus with a remarkable complement of genes infects marine zooplankton, *PNAS*, vol. 107, pp. 19508-19513, 2010.

Les virus, ennemis utiles, *Dossier Pour la Science*, n° 55, avril 2007.

F. E. Angly *et al.*, The marine viromes of four oceanic regions, *PLoS Biology*, vol. 4, n° 11, e368, doi:10.1371/journal.pbio.004036, 2006.

LES OUTILS D'ANALYSE DE LA DIVERSITÉ VIRALE

La diversité génétique est difficile à évaluer pour deux raisons. D'une part, les virus se cultivent mal en laboratoire et, d'autre part, ils n'ont pas de gène universel conservé, ce qui ne facilite pas leur classification. Présent chez tous les procaryotes, le gène codant l'ARN ribosomique 16S a par exemple été très utile pour établir les liens de parenté entre diverses souches bactériennes, par l'examen des variations, d'une souche à l'autre, de la séquence du gène.

Les méthodes classiques dites d'empreintes génétiques comme la PFGE (électrophorèse sur gel en champ pulsé) ou la PCR-DGGE (réaction de polymérisation en chaîne - électrophorèse sur gel en gradient dénaturant) permettent d'analyser la structure de populations ou de communautés à partir de morceaux de génome ou du génome entier. Elles révèlent la diversité virale, mais présentent des limites : les populations doivent être concentrées et donc dominantes dans le milieu pour que leur empreinte apparaisse sur le gel (sous

la forme de bandes sombres). Par exemple, à partir d'un échantillon de 20 litres d'eau, on n'observe pas plus de 10 à 30 empreintes de populations par la technique de la PFGE (une population correspond à une bande du gel), chacune équivalant à 0,1 à 5 pour cent de la communauté détectée. En outre, la PFGE ne distingue pas les génotypes de même taille et ne détecte que les virus à ADN double brin (les virus à ARN traversent ses grilles d'analyse).

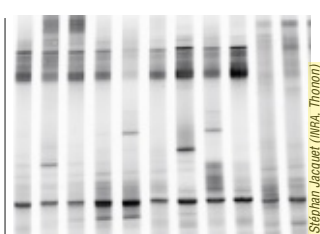
La métagénomique est une approche récente, puissante, qui permet d'analyser les génomes de tous les micro-organismes (virus, archées, bactéries, eucaryotes) présents dans un même échantillon sans qu'il soit nécessaire de les séparer – ni de les cultiver en laboratoire. On prélève plusieurs dizaines de litres d'eau dans l'environnement, que l'on filtre pour ne garder que les entités virales (de tailles inférieures à 450 nanomètres ou 200 nanomètres). L'échantillon est ensuite concentré, puis l'ADN ou l'ARN total en est extrait,

purifié et séquencé par des méthodes à haut débit.

Après reconstitution des séquences obtenues, l'analyse informatique fournit des informations sur la diversité virale et aide à identifier des fonctions importantes. Comment repère-t-on les génomes viraux parmi toute l'information génétique de l'échantillon ? À l'aide d'indices de régularité dans les séquences et des similarités de séquences. Ces éléments suffisent souvent à identifier la famille du virus si celle-ci est présente dans les bases de données existantes.

Au moins 50 métagénomes viraux d'eaux de mer ont été séquencés et ont ainsi révélé, par séquençage massif, l'étendue de la diversité virale. Pour autant, la métagénomique est une méthode lourde à utiliser, notamment pour déterminer comment varie cette diversité dans l'espace et dans le temps, et encore trop onéreuse pour analyser un grand nombre d'échantillons.

Un écueil majeur des analyses métagénomiques virales est

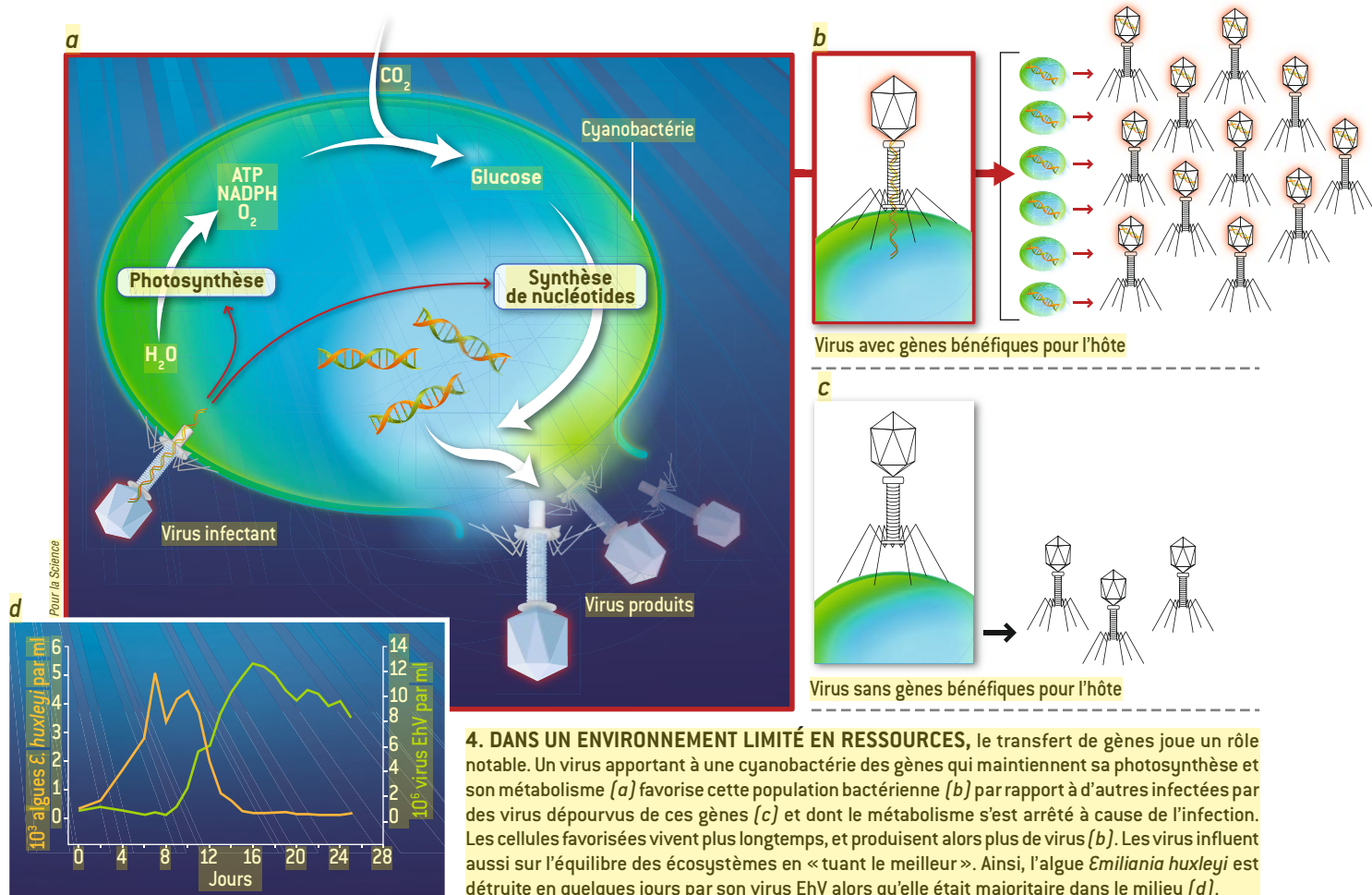


Un gel DGGE montrant l'évolution des populations virales cyanophages [bandes noires] du lac du Bourget sur 12 mois [colonnes].

l'absence de résultats quantitatifs : les techniques utilisées pour amplifier l'ADN viral extrait du prélèvement (notamment l'amplification aléatoire de génomes entiers) engendrent des biais quantitatifs importants, ce qui limite l'analyse des abondances relatives des différents virus. En outre, il est impossible d'étudier dans un même métagénome les virus à ADN et ceux à ARN, ce qui ne facilite pas leur étude comparative.

Aujourd'hui, aucun consensus n'existe quant aux outils à utiliser pour étudier la diversité virale. Leur choix dépend des moyens disponibles et de ce que l'on recherche.

Stéphane Jacquet (INRA, Thonon)



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, F. Rohwer et Rebecca Vega-Thurber, de l'Université d'État de San Diego, en Californie, avançaient le nombre de 10^{24} pour l'ensemble des océans, selon une évaluation prenant en compte les concentrations bactériennes et virales connues, la probabilité de rencontre de l'hôte et du virus ou encore les conditions environnementales.

Ce mécanisme de transfert génétique n'est pas l'apanage des procaryotes. Il existe aussi, dans une moindre mesure, chez les eucaryotes. Les virophages semblent d'ail-

leurs aussi participer au transfert de matériel génétique chez ces organismes : *Mavirus*, le virus du virus *CroV* découvert en 2011, pourrait être à l'origine des transposons, ces fragments d'ADN capables de se déplacer et de se multiplier de façon autonome dans un génome eucaryote.

Des abysses encore inexplorés

Aujourd'hui, il n'est plus possible d'ignorer le rôle des virus dans les écosystèmes aquatiques. Par leurs activités régulatrices des populations, ou grâce à l'action indirecte de leurs gènes, les virus aquatiques, de par leur nombre et leur diversité, contribuent de façon essentielle à la biodiversité en augmentant la variabilité génétique des micro-organismes. Ce faisant, ils participent à la régulation du fonctionnement écologique de la planète et à ses changements évolutifs. Ils pourraient même prendre part à la régulation climatique : en recyclant la matière organique présente dans les océans, ils modifient le flux de carbone qui y transite, notamment son transfert vers le fond, et influent *in fine* sur la quantité de gaz

carbonique que ces derniers absorbent ou rejettent dans l'atmosphère.

La compréhension de leur impact réel sur l'environnement et de leur rôle dans l'évolution du vivant n'en est qu'à ses débuts... de même que l'étude de leur diversité. Le volume des océans est tel que seule une infime proportion a été explorée à ce jour. Au-delà de 200 mètres de profondeur, les sous-marins scientifiques n'ont visité que l'équivalent de la région parisienne. Qu'y a-t-il dans les milliards de mètres cubes restant à explorer ? Près des sources froides d'où s'échappe le méthane, où des écosystèmes se constituent, ou dans les fumeurs chauds et noirs, des cheminées hydrothermales riches en sulfure d'hydrogène ? Ou encore près des coraux profonds que l'on commence à découvrir et des monts sous-marins inexplorés ?

À l'automne 2010, un vaste programme de recensement de la vie marine, le *Census of Marine Life*, s'est achevé en concluant à l'existence de 250 000 espèces « visibles » dans les océans, dont près de 5 000 nouvelles. Ce programme estimait qu'il restait 1,5 million d'espèces à découvrir. Et certainement au moins autant de virus !