

Communiqué de presse, 19 avril 2023

De nouveaux virus à mi-chemin entre virus géants et virus de l'herpès

Une équipe du CEA et du CNRS publie dans Nature le 19 avril la découverte d'un groupe majeur de virus abondants à la surface de l'Océan, où ils infectent du plancton unicellulaire : les mirusvirus. Cette découverte permet de mieux apprécier l'étendue de la biodiversité océanique et l'importance des virus dans ces écosystèmes. Mais surtout, ces virus ont une histoire évolutive étonnante, à mi-chemin entre le virus de l'herpès, qui infecte la moitié de la population humaine mondiale, et les virus géants, un groupe complètement distinct de virus également abondants dans l'Océan. Ils offrent ainsi à la communauté scientifique de nouvelles opportunités pour étudier l'écologie et l'évolution des virus à ADN, dans l'Océan et au-delà. Ces travaux ont été réalisés au Genoscope sur des données récoltées lors de l'expédition Tara Océans (2009-2013), mise en œuvre par une collaboration entre la Fondation Tara Océan, et des équipes principalement du CNRS, de l'EMBL et du CEA réunies au sein du consortium Tara Océans.



Les données métagénomiques de Tara Océans, qui couvrent le plancton marin, ont permis la découverte d'un groupe majeur de virus à ADN abondants de l'équateur jusqu'aux pôles : les mirusvirus. Ces virus jouent un rôle de régulateur du plancton en infectant un nombre considérable de cellules unicellulaires à chaque instant. Ils sont très complexes, avec des génomes à la composition étonnante. En effet, tous les gènes clés pour former leur particule virale, définissant la carte d'identité des virus à ADN, ont un lien évolutif direct avec les virus de l'herpès. Ces derniers sont très répandus chez les animaux (la moitié de la population humaine mondiale est infectée par le virus de l'herpès), mais complètement absents du reste du vivant, laissant la question de leur origine évolutive sans réponse.

La découverte des mirusvirus suggère que les ancêtres des virus de l'herpès infectaient bien autrefois des organismes unicellulaires marins. Mais l'histoire évolutive des mirusvirus gardait encore des surprises : malgré le lien évident avec les virus de l'herpès, la majorité des gènes des mirusvirus, y compris ceux impliqués dans la réplication du génome viral, sont semblables à ceux des virus géants, un groupe complètement distinct de virus qui fascinent les scientifiques pour leurs propriétés étonnantes. Ce « chimérisme » évolutif des mirusvirus est unique et pourrait nous renseigner sur l'évolution des virus à ADN.



Protistes et larves planctoniques. Ce plancton a été récolté au cours de l'expédition Tara Océan. Le 5 septembre 2009 la goélette Tara est partie de Lorient pour une expédition de 3 ans, afin d'étudier la vie microscopique de l'Océan. ©Christian SARDET / Tara Océans / Plankton Chronicles / CNRS Images.

« En 2018, notre équipe de recherche a observé un signal évolutif inhabituel dans le tsunami de données de séquençage de Tara Océans. Le suivi de ce signal nous a permis de découvrir, puis de caractériser un groupe majeur de virus à ADN : les mirusvirus. La publication de cette découverte dans le journal Nature est le début d'une nouvelle aventure car elle donne les clés à la communauté scientifique pour détecter et étudier les mirusvirus dans de nombreux écosystèmes » Tom Delmont, expert en écologie microbienne au CNRS et dernier auteur de ces travaux.

« Tara Océans a transformé notre compréhension de l'écologie du plancton. Notre étude montre que cette incroyable expédition nous permet aussi de répondre à des questions fondamentales d'évolution. Il reste tant à découvrir et

comprendre au sujet des mirusvirus. Il n'existe aucune culture connue, nous n'avons aucune image de leur particule virale, et nous n'avons pas encore commencé à les étudier ailleurs que dans les océans ! » Morgan Gaïa, expert en évolution des virus au CEA et premier auteur.

L'expédition Tara Océans 2009 - 2013

La goélette *Tara* a vogué pendant près de 4 ans sur tous les bassins océaniques du monde pour une mission inédite : réaliser une photographie d'ensemble de l'écosystème planctonique mondial. Méconnue, cette biodiversité invisible est un marqueur crucial de l'état de santé de notre planète et de son système climatique. Près de 35 000 échantillons de virus, de bactéries, d'algues et de planctons ont été collectés et analysés et sont encore analysés. C'est le plus grand effort de séquençage génétique jamais réalisé sur un écosystème marin, mettant en évidence une majorité de gènes microbiens inconnus jusque-là. Menée en collaboration avec la Fondation Tara Océan, cette expédition a principalement impliqué des équipes du CNRS, du CEA et de l'EMBL, aujourd'hui réunies au sein du consortium Tara Océans et de la fédération de recherche « Global Oceans Systems Ecology & Evolution ».

Bibliographie

Mirusviruses link herpesviruses to giant viruses. Gaïa M, Meng L, Pelletier E, Forterre P, Vanni C, Fernandez-Guerra A, Jaillon O, Wincker P, Ogata H, Krupovic M, Delmont TO. Nature. 19 avril 2023. doi: 10.1038/s41586-023-05962-4.

Contact

florence.bardin@agencef.com - 06 77 05 06 17
solene.roux@agencef.com - 07 63 32 26 67

À propos

La Fondation Tara Océan est la première fondation reconnue d'utilité publique consacrée à l'Océan en France. Depuis 20 ans, elle développe une science de l'Océan de haut niveau, en collaboration avec le CNRS et des laboratoires internationaux d'excellence, pour comprendre et anticiper les bouleversements liés aux risques climatiques et environnementaux. Ses deux missions-clés : explorer et partager. Pour faire de l'Océan une responsabilité commune et le préserver, la Fondation Tara Océan sensibilise et éduque les jeunes générations, et le public, pour protéger cet écosystème vital. www.fondationtaraocean.org