



## Génomique et écologie des virus aquatiques Banyuls-sur-Mer, France 12-13 février 2008

Stéphan Jacquet

### ► To cite this version:

Stéphan Jacquet. Génomique et écologie des virus aquatiques Banyuls-sur-Mer, France 12-13 février 2008. Virologie, 2008, 12 (4), pp.293-299. 10.1684/vir.2008.0187 . hal-02653424

**HAL Id: hal-02653424**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02653424>**

Submitted on 29 May 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

## Génomique et écologie des virus aquatiques Banyuls-sur-Mer, France, 12-13 février 2008

Stéphan Jacquet

Très abondants, ubiquistes et apparemment inertes sous leur forme libre au sein des écosystèmes aquatiques, les virus deviennent véritablement actifs quand ils infectent leur hôte préférentiel. Les virus des procaryotes ou phages sont reconnus aujourd'hui comme les particules virales les plus abondantes et constituent donc l'entité biologique la plus importante en nombre de la biosphère. Ces derniers ont été les plus étudiés bien que de nombreuses études existent également sur les virus d'organismes protistes (typiquement les micro-algues). En plus de leur impact sur l'écologie planétaire, de nombreuses évidences ont été données ces dernières années sur l'importance de leur rôle dans l'évolution des systèmes biologiques. Aujourd'hui les virus aquatiques sont considérés comme une source importante de diversité génétique et un facteur clef dans le transfert latéral de gènes au sein des communautés microbiennes. Il n'en reste pas moins vrai que l'écologie, l'évolution et la génomique virales, les relations entre les différents groupes viraux ainsi que leur impact sur l'environnement à plus ou moins long terme constituent des domaines de la recherche microbiologique encore largement méconnus.

Durant deux jours, du 12 au 13 février 2008 inclus, s'est tenu, dans le cadre somptueux de la ville balnéaire de Banyuls-sur-Mer (Pyrénées-Orientales) et dans le grand amphithéâtre face à la mer de l'Observatoire océanologique, le congrès *Genomics and Ecology of Aquatic Viruses*. Financé par *Marine Genomics Europe* (réseau d'excellence européen) et *Naturalia & Biologia* (association au service de la recherche scientifique et médicale depuis 1958) et regroupant la plupart des équipes appartenant au réseau Ravage (Réseau français des virologues

aquatiques, de la génomique à l'écologie, voir encadré), ce colloque avait toutefois un caractère international avec la présence de chercheurs venus d'Espagne (Barcelone), d'Allemagne (Iéna) et de Norvège (Bergen).

Les organisateurs de ce colloque étaient deux chercheurs travaillant à l'Observatoire de Banyuls-sur-Mer dans l'équipe Génomique évolutive et environnementale du phytoplancton, Évelyne Derelle et Nigel Grimsley. Le programme scientifique comprenait 21 présentations orales et 3 communications affichées. Quatre communications de chercheurs brestois ayant été annulées à la dernière minute, principalement en raison d'un mouvement social dans les transports aériens. Ce programme était composé de quatre demi-journées thématiques consacrées respectivement à la génomique, l'évolution, la virologie et l'écologie. L'ensemble des communications s'est tenu dans la langue de Shakespeare, bien que la communauté présente fût très largement francophone.

La première demi-journée, animée par le directeur adjoint de l'Observatoire océanologique de Banyuls, Hervé Moreau (également responsable de l'équipe Génomique comparative des micro-algues), a donc été consacrée à la génomique. Jean-Michel Claverie (Laboratoire information génomique et structurale, Marseille) a évoqué l'existence des virus géants à ADN double brin dans les écosystèmes marins, des virus qui présentent une grande homologie avec le mimivirus, le plus grand virus décrit à ce jour (750 nm, 1,2 Mpb), et pourraient être caractéristiques d'une nouvelle famille (« *Mimiviridae* ») de virus infectant les micro-algues unicellulaires. Cet exposé s'est attaché à rappeler l'incroyable complexité du mimivirus qui possède 911 gènes codant pour des protéines, incluant des composants du système de traduction. Jean-Michel Claverie a suggéré que ce type de virus soit une

Inra, UMR CARRTEL, Thonon-les-Bains, France  
<jacquet@thonon.inra.fr>



sorte de « fossile vivant », nous obligeant à réfléchir à la possibilité d'un quatrième domaine de la vie, à côté de celui des eucaryotes, des bactéries et des archées. Bien qu'il ait été découvert dans la tour de refroidissement d'un hôpital, les propriétés exceptionnelles du mimi-virus ont sensibilisé le monde de la virologie marine à l'existence de ces virus géants qui font maintenant l'objet d'une recherche systématique à travers le monde. Une révolution! Nigel Grimsley (Laboratoire Arago, Banyuls) a exposé les travaux de son équipe travaillant sur la description d'un virus lytique, infectant le plus petit eucaryote photosynthétique marin connu, *Ostreococcus tauri*. Ce virus, nommé *OtV5*, est un phycodnavirus avec une taille de génome de 185 kpb, qui ne semble pas dégrader les chromosomes de son hôte avant l'éclatement de la cellule. En effet le virus ne paraît pas disposer des endonucléases nécessaires à ce type de fonction. De nouveaux gènes et au moins 16 nouvelles fonctions ont toutefois été découverts. L'existence de protéines similaires entre le virus et son hôte laisse aussi penser que plusieurs transferts de gènes ont eu lieu pendant la co-évolution des deux entités biologiques. Nigel Grimsley a conclu en indiquant que plus de la moitié des 268 protéines possibles de ce virus n'ont révélé aucune similarité avec ce qui existe dans la banque de données GenBank, suggérant donc une grande diversité de fonctions encore inconnues. Hiroyuki Ogata (Laboratoire information génomique et structurale, Marseille) a présenté les études bio-informatiques récentes sur les génomes des grands virus à ADN. Par une nouvelle méthode bio-informatique (*phylogenetic mapping*), son équipe a identifié un ensemble divers de séquences rela-

tives aux grands virus à ADN dans des données métagénomiques marines. Ils ont ainsi montré que les séquences de la nouvelle famille « *Mimiviridae* » sont aussi abondantes que celles plus classiques des virus de la famille des *Phycodnaviridae*. Ils ont également démontré qu'il y a sûrement peu de transferts horizontaux de gènes à partir des cellules hôtes vers ce type de virus (1 tous les 10 millions d'années). Lors d'une seconde présentation, Hiroyuki Ogata a présenté le génome d'un cyanophage, *Ma-LMM01*, infectant la cyanobactérie coloniale *Microcystis aeruginosa*. Les cyanobactéries sont des procaryotes photosynthétiques dont les représentants au sein des eaux douces, comme *M. aeruginosa*, peuvent proliférer et former des efflorescences toxiques, typiquement dans les lacs. L'étude de la régulation de ces populations par des cyanophages est donc particulièrement importante. *Ma-LMM01* a un génome de 162 kpb et contient 184 gènes codant potentiellement pour des protéines. Bien que de nombreux génomes de bactériophages aient déjà été analysés, seulement 24 % des gènes prédits de *Ma-LMM01* ont des homologues connus dans les bases de données. Il représente donc un nouveau genre de virus de la famille des *Myoviridae* et, de plus, ne contient aucun gène photosynthétique, ce qui est généralement la règle pour les cyanophages marins. Par contre, ce phage possède, entre autres choses, un gène homologue à *nblA* qui est essentiel pour la dégradation des phycobilisomes, complexe majeur collecteur de la lumière chez les cyanobactéries. Il a été suggéré que cette fonctionnalité permette de réduire l'absorption excessive de la lumière et confère à ce phage un avantage sélectif dans les eaux proches de la surface en lien avec l'écologie de son hôte.

Cette étude illustre l'existence d'une énorme diversité génomique de phages, diversité qui n'est pas encore représentée dans les banques de données existantes.

La seconde session, qui avait pour thème l'évolution, a été animée par Henry Krisch (Laboratoire de microbiologie et génétique moléculaires, Toulouse). Diego Cortez, qui travaille avec Patrick Forterre, biologiste français de renom dans le domaine de l'évolution (Institut de génétique et microbiologie, Institut Pasteur, Paris, et Université de Paris-Sud, Orsay) a décrit la détection bio-informatique de séquences virales intégrées dans les génomes procaryotes, bactéries et archées, dont l'origine (acquisition par des cellules, des virus ou des plasmides ?) reste encore relativement floue. À partir de l'analyse génomique comparative et de la composition en dinucléotides pour 112 génomes d'archées et de bactéries, et plus précisément des *clusters* de gènes atypiques, Diego Cortez a montré que la grande majorité de ces *clusters* ont une origine virale ou plasmidique et que la majorité des ORF (*open reading frames*) orphelins (c'est-à-dire sans homologues dans les bases de données actuelles) appartient à ces *clusters*. Il semble donc que le réservoir des gènes viraux, encore largement méconnu, soit bien à l'origine de nombreuses séquences trouvées chez les cellules procaryotes et ceci va bien avec l'idée que les virus sont les entités et vecteurs biologiques les plus abondants au sein des écosystèmes aquatiques. Nicolas Delaroque (Max Planck Institute for Chemical Ecology, Iéna) travaille depuis de nombreuses années sur les virus de l'algue brune *Ectocarpus siliculosus*, un modèle biologique entièrement séquencé et annoté. Son exposé a permis d'illustrer que le virus *EsV-1*, qui est un grand virus à ADN, a son génome transmis verticalement via la méiose de son hôte et probablement intégré dans ce dernier. Toutefois, la séquence de fragments d'ADN viral retrouvée dans le génome de l'hôte diffère très légèrement de *EsV-1* en raison de petites insertions, délétions et mutations. L'analyse a permis de constater que le génome de l'algue brune contient en fait une série de morceaux d'ADN ayant une forte homologie avec des séquences du génome du mimivirus et de *EsV-1*. Ces séquences virales proviennent vraisemblablement d'un virus géant à ADN qui pourrait être l'ancêtre des grands virus à ADN aussi appelés NCLDV (*NucleoCytoplasmic Large dsDNA Virus*). De plus, il semble que certaines de ces séquences virales intégrées sont recombinées, réarrangées et mutées pour donner de nouveaux génomes de *EsV-1*. Si cela s'avérait être le cas, nous serions en présence d'un système viral similaire au mécanisme impliqué dans la recombinaison des gènes de récepteurs immuns. Antonio Pagarete, de

l'équipe de Colomban de Vargas (équipe Évolution du plancton et PaléOcéans, Station biologique de Roscoff), travaille sur les virus d'espèces phytoplanctoniques appelées coccolithophoridés (*Haptophyta*), qui sont parmi les plus vieilles lignées eucaryotes. Ces espèces jouent un rôle important dans le fonctionnement de l'océan notamment dans les eaux tempérées à froides de l'hémisphère nord où elles peuvent proliférer. On sait aujourd'hui que les virus jouent un rôle important dans le contrôle et la terminaison du *bloom* (phase de croissance) de l'espèce représentative de ce groupe, *Emiliana huxleyi* (*Ehux*). Il s'agit de virus géants caractérisés par des génomes à ADN double brin complexes. Le virus *EhV86* a été entièrement séquencé et il aurait 472 gènes possibles dont certains pour le moins inattendus, par exemple un impliqué dans la biosynthèse de céramide (un « anti-âge »), ou encore six séquences codant pour des ARN polymérases suggérant que ce virus a sa propre machinerie transcriptionnelle. Cet exposé a aussi permis de mettre en lumière que 65 % des gènes présumés de ce virus sont exprimés au cours du cycle lytique. La recherche porte désormais sur la compréhension de la fonctionnalité de certains gènes ou groupes de gènes durant l'infection. Ceci suppose le suivi de l'expression des gènes viraux et de l'hôte. Par exemple, l'utilisation des puces à ADN permet de s'intéresser à la diversité génomique de l'hôte, ce qui peut être crucial pour mieux comprendre le rôle des différents gènes de l'hôte dans les interactions hôte/virus. Antonio Pagarete a conclu en disant que le couple *Ehux/EhV* est un modèle biologique de laboratoire très pratique, permettant de progresser dans l'étude des interactions eucaryotes/virus et notamment sur les processus de co-évolution à plus ou moins long terme. André Comeau (équipe Diversité, évolution et structure du génome des bactériophages de type T, Toulouse) a évoqué l'étude des protéines de la capsid de la superfamille des phages T4 qui sont très largement représentés dans l'environnement. Il a décrit les séquences de la protéine majeure de la capsid de phages T4 (MCP, *major capsid protein*) obtenues à partir de PCR ciblées sur des échantillons marins. Des milliers de séquences de capsides provenant des bases de données métagénomiques ont aussi été analysées pour reconstituer la phylogénie de la superfamille T4. Une évaluation de la conservation de ces différentes protéines a montré que les phages cultivés en laboratoire suivent les mêmes patrons que les données métagénomiques recueillies à partir de populations virales non cultivées. Cette étude a permis de découvrir de nouveaux phages de type T4, très divergents de la majorité des sous-groupes déjà connus, et de montrer que les cyanophages de type T4 dominent les environnements marins. Finalement, une modélisation structurale en



trois dimensions de la MCP a été réalisée. Ce modèle a été analysé en utilisant la nouvelle phylogénie pour « cartographier » sur la molécule la variabilité protéique de chaque sous-groupe de T4. Les résultats indiquent qu'il y a des groupes phylogénétiques évidents à l'intérieur de la superfamille T4 et que la distribution des régions conservées et variables de la MCP leurs sont spécifiques. De telles différences peuvent être corrélées avec les variations morphologiques des capsides, les arrangements du motif cristallin des MCP et les différentes protéines accessoires dans les capsides des sous-groupes de la superfamille T4. La conclusion de la première journée a été donnée par Jens Borggaard Larsen, de l'équipe d'Aud Larsen (Département de microbiologie, Bergen). Son exposé a traité de l'analyse phylogénétique de fragments amplifiés du gène codant pour la protéine majeure de la capside virale de la famille des *Phycodnaviridae*. Il a commencé par rappeler l'importance des grands virus infectant le phytoplancton et le fait que, pour des virus dont le génome excède généralement les 300 kpb, seulement 14 gènes sont aujourd'hui connus comme communs à tous les membres de cette famille. Cela a rendu difficile jusqu'à aujourd'hui l'appréciation de leur diversité réelle dans la nature vu qu'il reste difficile de cibler une séquence type d'ADN. Les chercheurs norvégiens ont mis au point des amorces nucléotidiques dégénérées ciblant le gène de la protéine majeure de la capside. L'utilisation de ces amorces leur a permis de découvrir un nouveau genre viral. Il a été aussi montré qu'il existe probablement des différences importantes au sein des interactions virus/hôte entre diverses espèces phytoplanctoniques, que la séquence de ce gène est différente entre les virus des coccolithophoridées et phaeovirus d'une part et les autres virus d'autre part. Enfin, comme cela a été dit lors de la première conférence, il existe de fortes homologies entre les grands virus à ADN de la famille des *Phycodnaviridae* et de celle des « *Mimiviridae* ».

La seconde journée a eu une connotation beaucoup plus écologique bien que les premiers exposés aient rappelé des aspects de la première. La matinée dont le thème était la virologie a été animée par Nigel Grimsley, co-organisateur du colloque. Henry Krish a fait un exposé sur les phages de type T4, une composante ubiquiste du monde des phages qui constituent selon lui la « matière noire » de la biosphère. Son équipe participe à l'effort de compréhension du rôle des phages au sein des écosystèmes en se focalisant plus spécifiquement sur la famille virale de type T4. Partant d'une collection d'environ 100 phages de cette superfamille, il est donc possible de s'intéresser à la diversité de ces phages qui infectent

une grande variété d'hôtes. L'analyse génomique systématique de cette collection a permis de constater que tous ces virus ont divergé d'un ancêtre commun alors qu'ils ont commencé à infecter de nouveaux hôtes et occuper de nouvelles niches écologiques. Il existe plus de 10 sous-groupes, définis par des méthodes de phylogénie sophistiquées, au sein de cette superfamille. Le succès de la colonisation de la biosphère des phages de type T4 est sûrement lié au fait que leur génome est à la fois hautement conservé à certains endroits et très plastique dans d'autres, ces deux ensembles de fonctions se comportant différemment au cours de l'évolution. Dit autrement, on aurait d'un côté certains gènes qui assureraient la robustesse du virion ainsi que des processus de réplication et recombinaison très efficaces alors que, d'un autre côté, d'autres gènes assureraient une certaine flexibilité afin de s'adapter à de nouveaux hôtes et types d'environnements. David Pranghisvili (Département de microbiologie, Institut Pasteur) a évoqué l'incroyable diversité morphologique et génétique des virus à ADN double brin caractéristiques de certains milieux dits extrêmes, les environnements géothermiques caractérisés par des températures élevées (> 80 °C) et de faibles pH où les micro-organismes hôtes présents sont exclusivement des archéobactéries hyperthermophiles du genre *Sulfolobus*, *Acidianus*, *Thermoproteus* et *Pyrobaculum*. Ces virus ont généralement des formes qui ne ressemblent à rien de connu chez les phages et leur génome est aussi unique dans le sens où plus de 90 % des gènes potentiels n'ont aucune fonction connue et n'ont d'homologues chez les autres phages ou cellules hôtes potentiels. Les virus des archées hyperthermophiles forment un groupe unique dans le monde viral avec une seule ou peut-être plusieurs origines sans relation avec les autres virus décrits de milieux plus classiques à ce jour. Laure Bellec (Laboratoire Arago, Banyuls) a parlé de la diversité des interactions prasinophytes-virus étudiée dans trois sites différents de la Méditerranée nord-occidentale. Après avoir rappelé que la famille des prasinophycées est une composante clef du phytoplancton, avec notamment trois genres importants dont elle dispose en culture (*Ostreococcus*, *Bathycoccus* et *Micromonas*), elle a montré comment elle a isolé des virus spécifiques de ces espèces et observé la variabilité temporelle de la dynamique hôte-parasite pour ces trois sites d'étude. Son projet de thèse va consister à établir la diversité de ces souches virales et leurs patrons de spécificité envers les différentes souches d'hôtes afin de mieux comprendre la relation hôte-virus. Elle utilise des amorces spécifiques ciblant une région fortement conservée du gène de la polymérase virale pour caractériser ces prasinovirus. Par l'établissement de réseaux phylogénétiques

pour les hôtes et leurs virus, il sera possible d'étudier l'histoire évolutive de ce système et les facteurs qui contrôlent la spécificité des souches virales. Téléspore Sime-Ngando (Laboratoire de biologie des protistes, Clermont-Ferrand) a exposé les interactions écologiques existant entre virus, procaryotes et brouteurs avec notamment la disponibilité en nutriments à partir de l'exemple de manipulations d'eau d'un réservoir oligotrophe du Massif central. Il a montré combien l'activité des brouteurs stimule l'activité des bactéries et la production des virus en conditions fortement limitantes, probablement en raison de la remise à disposition des nutriments par les prédateurs flagellés. Le simple fait d'enrichir en nutriments les incubations avait en effet pour conséquence d'activer l'activité bactérienne (plus particulièrement certains groupes, les alpha- et les bêta-protéobactéries) et virale suggérant donc le rôle extrêmement important des nutriments dans ces interactions. Il existe donc sûrement une variété de routes quant aux interactions possibles entre prédateurs flagellés, bactéries et virus. Dolores Vaqué (Institut des sciences de la mer, Barcelone) a exposé, en deux parties distinctes, les résultats acquis depuis 2005 et un projet qui démarre concernant l'isolement, l'identification et l'infection virale des organismes présents à un site côtier oligotrophe de la Méditerranée nord-occidentale. Elle s'attendait à ce que le cycle lysogénique soit prépondérant sur le cycle lytique de part la limitation des bactéries en nutriments à cet endroit et leur faible abondance. Elle a constaté en fait qu'une production virale due au processus lytique avait lieu tout au long de l'année alors qu'elle ne détectait pas toujours de bactéries lysogènes. La diversité des bactéries étant élevée, elle a émis l'hypothèse que cette dernière pouvait être responsable de ces résultats et qu'un même virus puisse infecter différentes souches bactériennes, comme cela avait déjà été démontré pour certaines micro-algues ou protistes hétérotrophe. Le projet en cours consistera à tester la spécificité d'infection pour différents hôtes marins en travaillant sur des modèles isolés et cultivés au laboratoire mais également d'appréhender et caractériser la diversité virale. Ramon Massana (Institut des sciences de la mer, Barcelone) a montré que même si les phages et virus infectant les micro-algues ont été les plus étudiés, il ne fait aucun doute qu'il existe aussi des virus infectant les protistes hétérotrophes. Un peu par hasard, il a découvert et décrit un virus lytique infectant l'espèce *Cafeteria roenbergensis*. Son exposé a rapporté la découverte de ce virus ainsi que ses principales caractéristiques (virus à ADN double brin, présent dans le cytoplasme de l'hôte, très spécifique de cet hôte, ayant une taille de 280 nm et une charge d'environ 70 virus par cellule) et permis de

spéculer sur les implications de ce type de parasite dans le fonctionnement de l'écosystème marin.

La dernière après-midi du colloque consacrée à l'écologie a été animée par Stéphan Jacquet (Inra, Thonon-les-Bains). À cette occasion a été présenté le réseau Ravage (voir encadré). Markus Weinbauer (équipe Écologie microbienne et biogéochimie, Laboratoire d'océanographie, Villefranche) a montré, au travers de plusieurs expériences faites à différents endroits du globe, l'effet des virus sur la production et respiration bactériennes, ce dans le but de mieux comprendre et tenir compte du rôle biogéochimique de l'infection virale. Ainsi l'action virale se traduit toujours ou presque par la réduction de la production et de l'efficacité de croissance bactérienne et par la stimulation de la respiration. Comparativement, l'ajout d'un facteur nutritif limitant en Méditerranée tel que le phosphore stimule également la production virale et la respiration bactérienne. Les virus jouent donc un rôle de catalyseur dans le recyclage des nutriments. Une expérience, consistant à tester l'effet des virus sur la formation d'agrégats organiques, a aussi montré que les virus jouent un rôle clef sur cette dynamique et donc sur l'export de la matière, en particulier le carbone, vers les couches profondes de l'océan, un processus connu sous le terme de pompe biologique. Pascaline Ory, de l'équipe d'Hélène Montanié (La Rochelle), a parlé de la structure et du fonctionnement du réseau microbien dans les baies de Marennes et d'Arcachon. Des analyses multivariées de données de différentes stations dans chacune de ces baies ont permis de révéler une certaine homogénéité pour l'une et au contraire une hétérogénéité spatiale pour l'autre. Après avoir évoqué les facteurs principaux (biotiques et abiotiques) susceptibles d'expliquer les variations saisonnières observées, Pascaline Ory a montré que les communautés bactériennes et virales étaient fortement corrélées, suggérant un rôle prépondérant de la lyse virale sur la dynamique bactérienne. Des expériences *in vitro* ont permis de corroborer les résultats relatifs au suivi : sur les deux sites, il y a dominance de la lyse virale sur la bactériovorie des flagellés comme facteur régulateur des dynamiques bactériennes. Cependant, le fonctionnement du réseau microbien diffère entre les deux bassins, les bactéries étant davantage en compétition avec les picoeucaryotes dans le bassin d'Arcachon. Mike Dubow (Institut de génétique et microbiologie, Orsay) a parlé de deux études axées sur la diversité phagique au sein soit des sédiments de la Seine soit de différents déserts (Gobi, Namib, Negev, Vallée de la mort). L'analyse des phages sédimentaires a révélé l'existence de différents morphotypes, de taille variant entre 50 et 265 nm, dont

la plupart étaient induits après l'action de la mitomycine, suggérant une forte proportion de bactéries lysogènes dans cet environnement, en l'occurrence des protéobactéries d'après les analyses moléculaires sur l'ADNr 16S. L'analyse métagénomique a également révélé que les séquences les plus similaires étaient en effet celles appartenant à des phages tempérés infectant des bactéries de la famille des protéobactéries. L'ensemble de ces résultats laisse penser que les phages tempérés pourraient jouer un rôle important dans la dynamique et la diversité bactérienne au sein des sédiments aquatiques. Lyria Berdjeb (équipe d'Écologie microbienne aquatique, Inra, Thonon-Bains) a évoqué l'impact des flagellés sur le rôle des virus dans la dynamique des communautés bactériennes et des nutriments au sein de lacs péri-alpins. Cette étude a été réalisée dans deux lacs (Annecy, Bourget) aux statuts trophiques différents (oligotrophe et mésotrophe respectivement), à deux profondeurs et à deux périodes contrastées de l'année. Les résultats obtenus suggéraient que la présence des flagellées est un facteur stimulant hautement la dynamique virale aussi bien du point de vue de sa production que celui de son déclin et cela, quel que soit le statut trophique du lac. Par conséquent, les impacts induits par cette stimulation sont de trois ordres : (i) une augmentation de la mortalité bactérienne par lyse virale à près de 19 % pour le lac d'Annecy et de plus de 48 % pour le lac du Bourget ; (ii) une redistribution des nutriments estimée à plus de 20 % et de 55 % pour le lac d'Annecy et du Bourget respectivement ; (iii) une remobilisation du carbone qui constituerait près de 60 % de la demande bactérienne en carbone dans le lac d'Annecy et seulement 15 % dans le lac du Bourget. Corinne Maurice (Laboratoire écosystèmes lagunaires, Montpellier) a discuté

l'influence de la physiologie bactérienne sur les stratégies de vie des virus au sein de différents lacs canadiens. Elle a montré que les mécanismes et l'impact écologique des décisions de la stratégie virale (lytique vs lysogène) restent encore peu connus. Son hypothèse de travail a été de prendre en compte, lors du suivi écologique de trois lacs canadiens assujettis au gel de leurs eaux de surface, le métabolisme cellulaire de l'hôte bactérien comme un facteur susceptible d'influencer fortement la décision virale de rentrer dans un cycle plutôt qu'un autre. Pendant l'année étudiée, ont en effet été enregistrées de fortes variations de la physiologie bactérienne mais également de la proportion des cellules lysogènes, ne permettant pas de conclure sans ambiguïté sur un lien étroit entre physiologie et choix de vie des virus. Il a donc été proposé que la physiologie bactérienne puisse jouer un double rôle lorsque la cellule est caractérisée par un faible taux métabolique ou est lésée, avec d'un côté une interaction stable et prolongée (l'hôte étant un refuge privilégié pour les virus) et d'un autre côté un événement induisant la lyse (les virus « quittant le navire qui coule ») avant que l'hôte ne meure et que toute réplication soit impossible.

Nigel Grimsley a conclu ce colloque en remerciant l'ensemble des participants et en les invitant à un banquet final où la cuisine fut excellente, digne conclusion de ces deux journées scientifiques particulièrement riches.

**Remerciements.** L'auteur tient à remercier l'ensemble des conférenciers qui ont accepté de relire ce texte et qui en ont approuvé son contenu. L'auteur remercie chaleureusement les animateurs de ce colloque pour l'organisation de cet événement et pour avoir accepté l'écriture et la relecture de cet article.

### Le réseau Ravage

Le réseau Ravage (Réseau français des virologues aquatiques, de la génomique à l'écologie), animé par Stéphane Jacquet, est né en décembre 2005 de la volonté de la communauté scientifique française travaillant sur les virus aquatiques de promouvoir ce champ disciplinaire de l'écologie microbienne. L'objectif général des réseaux scientifiques est l'animation scientifique (connaissance partagée, information sur les travaux réalisés, mutualisation d'outils et/ou de sites), la coordination de la recherche (participation à des projets communs, co-encadrements d'étudiants, réponses concertées aux appels d'offres) et les prospectives (priorités justifiées et positionnées aux plans national et international). Ravage vise à remplir ces missions : il tente de contribuer à l'élaboration, la diffusion, ou le partage de connaissances et méthodologies communes (caractérisation de la diversité et de la fonctionnalité des communautés, techniques d'isolation, mesure de production, modélisation, etc.), à la création d'une communauté scientifique nationale (CNRS, Ifremer, Inra, IRD, Universités, Instituts) de biologistes microbiens travaillant sur l'écologie ou la génomique virale aquatique, et enfin à l'organisation des recherches en écologie et/ou génomique virale aquatique. Aujourd'hui, 14 équipes appartiennent au réseau, soit une communauté importante au niveau européen et au-delà. Bien qu'il ne s'agisse pour le moment que d'un réseau informel et non d'une structure permettant de financer des projets, il a déjà permis de participer à l'élaboration de colloques dont celui évoqué dans ces pages, mais également de projets en faisant se connaître les scientifiques. On peut citer par exemple le programme VIRBAC (étude des interactions virus-bactéries sous l'influence des changements globaux, UV et température) réalisé dans l'étang de Thau en 2006 et animé par Thierry Bouvier (CNRS), le programme VIRDAK (études des interactions virus-bactéries le long d'un gradient de salinité) réalisé à Dakar au Sénégal et animé par Yvan Bettarel (IRD). Dans les deux exemples précédemment cités, 4 à 5 équipes de Ravage ont participé à ces missions scientifiques. En 2008, un projet ANR biodiversité, animé par Markus Weinbauer (CNRS), vient de commencer, dans lequel 6 équipes de Ravage sont représentées et où il est question d'étudier la co-variation de la diversité procaryote et virale au sein de différents écosystèmes aquatiques (programme AQUAPHAGE). Il est essentiel aujourd'hui que le réseau Ravage dispose d'une plus grande visibilité nationale et internationale et que l'ensemble de ses membres, projets, productions, communications soit connu du plus grand nombre. Un site Web est donc en cours de construction.