



PARIS,  
LE 8 AVRIL 2022

COMMUNIQUÉ  
DE PRESSE

## 5 500 nouvelles espèces de virus ARN identifiées dans les mers du monde entier

À partir d'échantillons d'eau, prélevés dans les océans du monde entier lors des expéditions *Tara Oceans* et dont plusieurs centaines ont été séquencés par le CEA-Genoscope en collaboration avec des scientifiques du CNRS, une équipe internationale a identifié 5 500 nouvelles espèces de virus à ARN et déterminé que la plupart faisaient partie de branches inconnues jusqu'ici. Cette étude, essentielle pour comprendre le rôle des virus à ARN dans les écosystèmes marins, est publiée le 7 avril dans la revue *Science*.

Les scientifiques ont extrait, dans les séquences génomiques issues des 35 000 échantillons renfermant des organismes flottants prélevés dans les océans, celles contenant un gène appelé RdRp essentiel aux virus à ARN mais absent des autres virus et cellules. Ils ont ainsi identifié 5 500 espèces de virus jusque-là inconnues.

Pour les classifier, les chercheuses et chercheurs se sont basés sur les variations de ce même gène RdRp, qui existe probablement depuis l'époque où la vie est apparue sur Terre. Afin de prendre en compte son évolution sur des milliards d'années et tracer ces divergences de séquences, l'équipe s'est appuyée sur l'apprentissage automatique (*machine learning*), en s'aidant d'arbres phylogénétiques traditionnels et de la classification précise de séquences de virus à ARN déjà identifiés.

Résultat, si certaines des espèces identifiées font partie des 5 branches phylogénétiques (ou phylums) déjà existantes dans le royaume Orthornavirae, qui regroupent la plupart des virus pathogènes à ARN, ce n'est pas le cas des autres, qui n'entrent dans aucune branche connue à ce jour. Pour classer ces nouvelles espèces, les chercheurs proposent au moins 5 phylums supplémentaires. Ils ont montré que ces espèces étaient répandues dans la totalité des océans de la planète, avec une abondance notable dans les eaux de l'océan Arctique.

Selon l'équipe de recherche, une meilleure connaissance de la diversité et de l'abondance des virus dans les océans du monde permettra de mieux comprendre le rôle des microbes marins. Cette étude fournit ainsi des connaissances fondamentales essentielles à l'intégration des virus à ARN dans les modèles écologiques.

Ces travaux sont notamment soutenus par la Fondation Tara Ocean, le CNRS (Fédération de Recherche pour l'étude de l'écologie et de l'évolution du système océan global/*Tara Oceans*), le Laboratoire Européen de Biologie Moléculaire EMBL et le CEA-Genoscope.

**Référence :** Cryptic and abundant marine viruses at the evolutionary origins of Earth's RNA virome, *Science*, 7 avril 2022 [DOI: 10.1126/science.abm5847](https://doi.org/10.1126/science.abm5847)

<sup>1</sup> Ont participé à ces recherches des scientifiques du laboratoire Génomique métabolique (CNRS/CEA/Université d'Évry), du Laboratoire des sciences du numérique à Nantes (CNRS/École Centrale de Nantes/Nantes Université) et de l'Institut de biologie intégrative de la cellule (CNRS/CEA/Université Paris-Saclay).

### CONTACTS PRESSE

Guilhem BOYER  
guilhem.boyer@cea.fr  
Tél. : 01 64 50 27 53