

Génomique comparative d'isolats phylogénétiquement proches appartenant au genre *Thermococcus*, une archée hyperthermophile

L'immense diversité génomique des microorganismes leur permet de vivre partout, même dans les environnements extrêmes tels que les sources hydrothermales profondes. Ces dernières, disséminées sur l'ensemble des fonds océaniques, sont un bon modèle pour étudier la biogéographie et la diversification des génomes. Une approche de génomique comparative a été employée sur des isolats du genre *Thermococcus* proches d'un point de vue évolutif. Ce travail visait à identifier des mécanismes ayant un rôle dans la diversification de ces génomes, et également d'identifier des gènes impliqués dans cette différenciation. A cette fin, deux groupes d'une vingtaine d'isolats ayant des origines géographiques diverses ont été sélectionnés et séquencés.

L'éloignement géographique résultant de la colonisation de nouveaux systèmes hydrothermaux semble être un facteur de diversification et de spéciation pour certains isolats. Cependant, lorsque les sites hydrothermaux sont relativement proches, il semblerait qu'un transfert de gènes entre les isolats soit toujours possible. Dans ce cas, l'adaptation à de nouvelles niches écologiques serait un facteur de la diversification des génomes. L'approche de génomique comparative a permis d'identifier des gènes spécifiques à certains sous-groupes, apparentés à des espèces. Ces gènes sont notamment impliqués dans les métabolismes des acides aminés, de production d'énergie et de transport d'ions inorganiques. Ceci reflète les pressions de sélections que peuvent subir ces organismes dans ces environnements hostiles à nombreuses formes de vie.

Mots clés : Génomique comparative, *Thermococcus*, Diversification, Génome, Hyperthermophile

Comparative genomics of closely related *Thermococcus* isolates, a genus of hyperthermophilic Archaea

The immense genomic diversity of microorganisms allows them to live everywhere, even in extreme environments such as deep hydrothermal vents. Scattered over the seabed, these are a good model for studying the biogeography and genomes diversification. A comparative genomics approach has been used on closely related isolates, of the genus *Thermococcus*. This work aimed at identifying mechanisms that have a role in the diversification of these genomes, and also to identify genes involved in this differentiation. For this purpose, two groups of about 20 isolates with different geographical origins were selected and sequenced.

The geographical isolation resulting from colonization of new hydrothermal systems is likely to be a diversification and speciation factor for some isolates. But when hydrothermal sites are relatively close, it would seem that gene transfer between isolates is still possible. In this case, adaptation to new ecological niches would be a factor contributing to the genomes diversification. The comparative genomics approach allowed highlighting genes specific to certain subgroups, related to species. These genes are involved in amino acid metabolism, energy production and the transport of inorganic ions. This reflects selection pressures that these organisms may experience in these environments, otherwise hostile to many forms of life.

Key words: Comparative genomics, *Thermococcus*, Diversification, Genome, Hyperthermophile