

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF METABOLIC PATHWAYS OF ALIPHATIC AMINOACID DEGRADATION

Chomin CUNCHILLOS and Guillaume LECOINTRE

In Prep. (Communication at the XVIIIth meeting of the Willi Hennig Society, Goettingen, 13-17 Sept. 1999)

One of the very first sources of energy for primitive cells should have been free aminoacids. This simple statement is consistent with the idea that one of the earliest metabolic pathways should have been aliphatic aminoacid catabolism. In order to identify the very first elements of earliest metabolisms in the beginnings of life on earth, biochemists used to infer scenarios with relevant arguments but without precise methodology. To help in this exercise, we have performed a cladistic analysis of aliphatic aminoacid catabolic pathways. The aim was twofold : first, to identify the catabolism first to emerge, and second to check whether the cycle of Krebs (or portions of it) appeared before the aminoacid catabolism or is a product of it. The investigation rests on two connected assumptions: first, metabolic pathways have an history through descent with modification, and second, when the degradation of two aminoacids uses the same enzyme or the same group of successive enzymes, we bet that this common pathway is an indication for common ancestry. In other words, using the degradation pathway of an aminoacid as a taxon, enzymes as characters, and an hypothetical ancestor with no enzyme at all, we can formulate putative homologies (primary homologies) in a data matrix. A second level of homology (the homology of episemantides of Zuckerkandl and Pauling, 1965) will be discussed and results will be shown.

ANALYSE PHYLOGENETIQUE DES VOIES DE DEGRADATION DES ACIDES AMINES ALIPHATIQUES

Chomin CUNCHILLOS and Guillaume LECOINTRE

En préparation (communication donnée au congrès 1999 de la Société Française de Systématique : « caractères », 22-24 Sept. 1999)

Une des toutes premières sources d'énergie des premiers systèmes vivants a certainement résidé dans des acides aminés aliphatiques libres. De ce simple postulat découle l'idée que les voies de dégradation des acides aminés aliphatiques ont été parmi les premières voies métaboliques du vivant et qu'elles seraient pour une bonne part à l'origine du cycle de Krebs. Lorsqu'il s'est agi d'inférer les premiers tronçons d'un métabolisme primitif, les biochimistes ont conçu des scénarios avec de bon arguments mais sans méthode d'inférence précise. Pour contribuer à cet effort, nous avons réalisé une analyse cladistique des voies de dégradation des acides aminés aliphatiques. L'objectif était double : premièrement, identifier le ou les voies de dégradation d'émergence les plus précoces, et deuxièmement, vérifier si le cycle de Krebs (ou certaines de ses portions) est antérieur aux voies de dégradation des acides aminés ou bien n'est qu'un produit de celles-ci. L'investigation repose sur deux postulats : 1. les voies métaboliques ont une histoire interprétable en termes de descendance avec modification, et 2. lorsque les voies de dégradation de deux

acides aminés emploient le même enzyme ou le même groupe d'enzymes successifs nous parions qu'à cette portion commune de voie métabolique correspond une ascendance commune. En d'autres termes, en utilisant les voies de dégradation de chaque acide aminé aliphatique comme taxon, les enzymes comme caractères, et un ancêtre hypothétique sans enzymes, nous pouvons formuler des homologues putatives (ou homologues primaires) dans une matrice. Un second niveau d'homologie (l'homologie des épisémantides de Zuckerkandl et Pauling, 1965) sera discuté et les résultats de l'analyse phylogénétique seront présentés.