



La glycolyse : une réaction universelle du métabolisme ?

Question

Bonjour,

Pouvez-vous me préciser si la voie glycolytique se retrouve chez tous les organismes vivants ? Merci

Réponse

- Il apparaît en effet que cette voie de dégradation, qu'elle commence sur un G6-P ou un G1-P peu importe, et se termine au pyruvate..., est une voie du catabolisme commune aux procaryotes et autres eucaryotes, auto- ou hétérotrophes.

- Nous sommes là dans une problématique qui relève plus particulièrement de la phylogénie moléculaire et même métabolique et on doit remonter à cette hypothétique et fameuse « première cellule » LUCA.

Il est probable qu'il a existé des réactions chimiques pré-cellulaires (période de tâtonnements), correspondant à l'activité enzymatique de protéines, ou d'autres molécules..., non coordonnées en un ensemble organisé. Mais avec la voie glycolytique, nous parlons non pas de réactions enzymatiques isolées, mais d'**un ensemble de transformations organisées en voies**, et **fonctionnant de manière coordonnée**. Cette coordination n'a pu se mettre en place qu'au cours d'une étape « cellulaire » de l'évolution, permettant un confinement et des interactions multiples entre molécules.

Pour un biologiste (homme de l'« *in vivo* »), à la différence d'un chimiste (homme de l'« *in vitro* »), les réactions manquent totalement de cohérence lorsqu'elles sont considérées **individuellement** : beaucoup de métabolites intermédiaires ne présentent aucun intérêt physiologique, et la capacité de les produire *isolément* ne confère pas d'avantage sélectif concevable. L'apparition d'une nouvelle enzyme n'apparaît avantageuse que lorsque son activité s'intègre dans un métabolisme antérieur et en améliore l'efficacité. L'évolution se fait par touches successives, en greffant de nouveaux éléments à l'ouvrage..., ou en les virant. « On » n'invente pas une voie métabolique : elle se construit peu à peu, après des tests de sélection...

En d'autres termes, l'intégration du métabolisme ne prend de sens que dans un milieu clos soumis à la sélection naturelle que l'on peut appeler cellule ou « protobionte ».

Empruntons donc à un maître de conférences à APT (AgroParisTech) ce passage : « *c'est là le travail des phylogénistes des voies métaboliques qu'ils tentent de reconstruire non seulement à partir du partage d'une ou plusieurs enzyme(s) de haute spécificité, mais aussi par le partage par ces mêmes voies, de types de fonctions enzymatiques - spécificité de fonction mais non spécificité des substrats - étant entendu que ceux-ci sont soutenus par une similitude structurale des sites actifs correspondants. Reconnaître que deux voies métaboliques partagent une réaction de haute spécificité revient à utiliser un critère d'homologie primaire strict, tandis que la reconnaissance du partage d'une même famille de réactions revient à relâcher ce critère d'homologie en le transférant dans le passé : si deux voies partagent deux enzymes semblables, c'est qu'elles ont dû partager jadis la même enzyme généraliste* ». Rassurez-vous cependant, votre programme (Bcpst) ne semble pas inclure ces aspects de la phylogénie moléculaire...