



HAL
open science

Evolution of the proteome of mitochondrial ribosomes: a clue for the eukaryotic tree?

Elie Desmond-Le Quéméner, Celine Brochier-Armanet, Patrick Forterre,
Simonetta Gribaldo

► To cite this version:

Elie Desmond-Le Quéméner, Celine Brochier-Armanet, Patrick Forterre, Simonetta Gribaldo. Evolution of the proteome of mitochondrial ribosomes: a clue for the eukaryotic tree?. Journées Ouvertes Biologie Informatique et Mathématiques JOBIM, Jul 2007, Marseille, France. hal-04665006

HAL Id: hal-04665006

<https://hal.science/hal-04665006v1>

Submitted on 31 Jul 2024

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.

Evolution of the proteome of mitochondrial ribosomes: a clue for the eukaryotic tree?

Elie Desmond¹, Céline Brochier², Patrick Forterre¹ and Simonetta Gribaldo¹

¹ Institut Pasteur, Biologie Moléculaire du Gène chez les Extrêmophiles
25,28 rue du Docteur Roux 75724 Paris CEDEX 15
France

{edesmond, forterre, simo}@pasteur.fr

² Equipe Génome, Evolution, Bioinformatique, Laboratoire de Chimie Bactérienne (CNRS – UPR9043)
Institut de Biologie Structurale et de Microbiologie
31 chemin Joseph Aiguier 13402 MARSEILLE CEDEX 20
celine.brochier@up.univ-mrs.fr

Keywords: comparative genomics, mitochondrial proteome, eukaryotic tree.

Les classifications des eucaryotes ont longtemps été basées sur des critères morphologiques, ultra-structuraux ou biochimiques. Ces caractères ont servi à définir un grand nombre de groupes eucaryotes (des métazoaires aux alvéolés) qui perdurent jusqu'à présent. Cependant ces approches n'ont pas permis de résoudre les relations de parenté entre ces groupes. Une des explications est le faible nombre de caractères dérivés partagés entre les phyla sur lesquels s'appuyer. Le séquençage de l'ADN a ouvert l'ère des phylogénies moléculaires. Dans un premier temps, elles se sont d'abord limitées aux séquences d'ARN de la petite sous-unité du ribosome. Les phylogénies résultantes ont permis la définition d'un certain nombre de nouveaux phyla sans pour autant permettre de résoudre les relations entre eux. Deux explications ont été avancées : la saturation moléculaire qui a effacé le signal phylogénétique ancien et/ou une diversification des phyla eucaryotes trop rapide (radiation) pour être enregistrée au niveau moléculaire. Pour essayer d'améliorer la résolution des nœuds les plus profonds de la phylogénie des eucaryotes, deux approches complémentaires ont été proposées. La première consiste à augmenter le nombre de marqueurs phylogénétiques utilisés pour incrémenter la quantité de signal phylogénétique. Des analyses récentes ont permis de proposer un certain nombre de regroupements entre phyla eucaryotes en un petit nombre (entre 5 et 8) de « supergroupes » ([1], [2] et [3]). Cependant les relations de parenté entre ces supergroupes restent non résolues.

Une deuxième approche, consiste à rechercher des événements génomiques rares (voir par exemple [4]) Au sein de cette problématique, nous nous sommes intéressés aux protéines composant les ribosomes mitochondriaux. En effet une des conclusions majeures des études réalisées à la fin des années 1990 sur la phylogénie des eucaryotes est que l'endosymbiose mitochondriale avait très vraisemblablement eue lieu chez un ancêtre de tous les eucaryotes actuel,

c'est-à-dire chez un ancêtre de tous les phyla eucaryotes connus à ce jour. Même les protistes dépourvus de cet organelle gardent des traces de sa présence passée dans leur génome [5]. D'autre part on observe que le ribosome mitochondrial peut avoir une composition très variable dans les différents phyla ([6-9]), suggérant qu'un certain nombre de ses protéines auraient été perdues ou remplacées indépendamment au cours de l'évolution dans les différentes lignées eucaryotes. Le travail que nous présentons ici est le résultat de l'étude phylogénomique de ces protéines chez les différents eucaryotes pour lesquels le génome a été complètement séquencé. La première étape de notre analyse a consisté à identifier tous les homologues des 80 à 90 protéines composant le ribosome de la levure et des mammifères ([6-8]) dans les génomes complets eucaryotes et procaryotes. Dans un deuxième temps, les homologues de ces protéines ont été analysés par phylogénie. La répartition de ces homologues dans les différentes lignées eucaryotes a permis: (i) d'identifier la part des protéines ribosomiques communes aux mitochondries et aux bactéries, et de préciser la position phylogénétique du plus proche parent bactérien, (ii) d'identifier la part des protéines ribosomiques qui étaient présentes dans la mitochondrie du dernier ancêtre commun à tous les eucaryotes, (iii) de mettre en évidence les innovations qui se sont produites aux différents nœuds conduisant de LECA à la levure et aux mammifères, (iv) de réaliser une analyse phylogénétique simultanée de l'ensemble de ces protéines pour essayer d'améliorer la phylogénie des eucaryotes, et (v) de mettre en évidence des caractères partagés (présence/absence d'homologues dans différentes lignées) qui peuvent constituer de bons caractères pour résoudre certains nœuds de la phylogénie.

References

- [1] Baldauf, S.L. (2003) The Deep Roots of Eukaryotes. *Science* 300: 1703-1706.
- [2] Keeling, P.J., Burger, G., Durnford, D.G., Lang, B.F., Lee, R.W., Pearlman, R.E., Roger, A.J., and Gray, M.W. (2005) The tree of eukaryotes. *Trends in Ecology & Evolution* 20: 670-676.
- [3] Simpson, A.G.B., and Roger, A.J. (2004) The real 'kingdoms' of eukaryotes. *Current Biology* 14: R693-R696.
- [4] Roger, A.J., and Silberman, J.D. (2002) Cell evolution: Mitochondria in hiding. *Nature* 418: 827-829.
- [5] Stechmann A, Cavalier-Smith T. (2003) The root of the eukaryote tree pinpointed. *Curr Biol.* 13(17):R665-6
- [6] Koc, E.C., Burkhart, W., Blackburn, K., Moseley, A., and Spremulli, L.L. (2001a) The Small Subunit of the Mammalian Mitochondrial Ribosome. IDENTIFICATION OF THE FULL COMPLEMENT OF RIBOSOMAL PROTEINS PRESENT. *J. Biol. Chem.* 276: 19363-19374.
- [7] Koc, E.C., Burkhart, W., Blackburn, K., Moyer, M.B., Schlatzer, D.M., Moseley, A., and Spremulli, L.L. (2001b) The Large Subunit of the Mammalian Mitochondrial Ribosome. ANALYSIS OF THE COMPLEMENT OF RIBOSOMAL PROTEINS PRESENT. *J. Biol. Chem.* 276: 43958-43969.
- [8] Gan, X., Kitakawa, M., Yoshino, K.-i., Oshiro, N., Yonezawa, K., and Isono, K. (2002) Tag-mediated isolation of yeast mitochondrial ribosome and mass spectrometric identification of its new components. *European Journal of Biochemistry* 269: 5203-5214.
- [9] Gan, X., Arita, K., Isono, S., Kitakawa, M., Yoshino, K.-i., Yonezawa, K., Kato, A., Inoue, H., and Isono, K. (2006) Identification and comparative analysis of the large subunit mitochondrial ribosomal proteins of *Neurospora crassa*. *FEMS Microbiology Letters* 254: 157-164.