

Etude des mécanismes d'interaction bactéries/nanomatériaux à partir de nanoparticules hybrides coeur-coquille modèles: apport des techniques de spectrométrie de masse et d'analyse de surface.

Sergio Fernandez-Castillo Suarez, Cécile Courrèges, Javier Jiménez-Lamana, Simon Godin, Sophie Nolivos, Régis Grimaud, Joanna Szpunar, Joachim Allouche

▶ To cite this version:

Sergio Fernandez-Castillo Suarez, Cécile Courrèges, Javier Jiménez-Lamana, Simon Godin, Sophie Nolivos, et al.. Etude des mécanismes d'interaction bactéries/nanomatériaux à partir de nanoparticules hybrides coeur-coquille modèles: apport des techniques de spectrométrie de masse et d'analyse de surface.. SPECTRATOM 2022, May 2022, Pau, France. hal-04325117

HAL Id: hal-04325117 https://hal.science/hal-04325117

Submitted on 5 Dec 2023 $\,$

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.



ÉTUDE DES MÉCANISMES D'INTERACTION BACTÉRIES/NANOMATÉRIAUX À PARTIR DE NANOPARTICULES HYBRIDES CŒUR-COQUILLE MODÈLES: APPORT DES TECHNIQUES DE SPECTROMÉTRIE DE MASSE ET D'ANALYSE DE SURFACE

Sergio Fernández-Castillo Suárez^{1*}, Cécile Courrèges¹, Javier Jiménez Lamana¹, Simon Godin¹, Sophie Nolivos¹, Régis Grimaud¹, Joanna Szpunar¹ et Joachim Allouche¹

¹Université de Pau et des Pays de l'Adour, E2S-UPPA, CNRS, IPREM



(ToF-SIMS), spectroscopie photoélectronique a rayonnement X (XPS)

Schéma de l'expérience pour confirmer la biodégradation de la gélatine par les protéases bactériennes.

ANALYSE DES SURNAGEANTS ET DES CULOTS PAR XPS

IDENTIFICATION DES PEPTIDES PAR LC-ESI-MS

- Des séquences peptidiques ont été trouvées dans le surnageant en utilisant une approche de séquençage de novo grâce au logiciel DeNovoGUI (v.1.16.6).^[4]
- Les séquences ont été identifiées à l'aide de l'outil BLAST sur UniProt.^[5]
- Quatre peptides correspondaient à la base de données UniProtKB qui confirme la signature du collagène: «Alpha2 chain of type I collagen - Sus scrofa domesticus (domestic pig)» [numéro d'accès: A0A1S7J1Y9_PIG].

GAGPSGPSGLPGE m/z=890.43; charge 2; E-value: 8.2e-4



GGKGEQGPAGP m/z=842.41; charge 2; E-value: 4.5e-3

DFGYEGDFYR m/z=634.73; charge 2; E-value: 4.6e-3

GAAGATGARGL m/z=451.25; charge 2; E-value: 2.4e-2

 La présence de peptides de collagène de porc dans les échantillons, qui sont absents dans le contrôle, confirme sa dégradation par les protéases.





Les nanoparticules, les surnageants et les culots de centrifugation ont été analysés par XPS.



Spectres XPS des nanoparticules or@silice@gélatine pour les C1s, O1s, N1s et Si2p.



Histogramme de la composition élémentaire relative (At. %) en C, N, O et Si des culots et surnageants.

 Evolution de la composition chimique élémentaire en surface des nanoparticules en fonction du temps de biodégradation.

Des pics caractéristiques de SiO₂⁻ et Si⁺ ont été détectés dans le culot après la dégradation.

CONCLUSIONS ET PERSPECTIVES

- La biodégradation de la gélatine à la surface des nanoparticules par les protéases d'A. macleodii a été confirmée par LC-ESI-MS, ToF-SIMS et XPS.
- L'objectif suivant est d'étudier si les nanoparticules peuvent se fixer à la surface des bactéries en utilisant les techniques SP-ICP-MS et SC-ICP-MS en se servant de l'or comme traceur et un métal caractéristique des bactéries (Fe, Mg, Mn).
- Des expériences AES permettront de réaliser des cartographies chimiques à l'échelle nanométrique des bactéries en interaction avec les nanoparticules.^[6]

RÉFÉRENCES

[1] F. Ameen, K. Alsamhary, J.A. Alabdullatif, S. AlNadhari, *Ecotoxicol. Environ. Saf. 213* (**2021**), 112027.

[2] M. Mansor, J. Xu, Environ. Microbiol. 22(9), (2020), 3633–3649.

[3] L. Yin, Z. Zhang, Y. Liu, Y. Gao, J. Gu, *Analyst 144*, (**2019**), 824–845.

[4] T. Muth, L. Weilnböck, E. Rapp, C.G. Huber, L. Martens, M. Vaudel, H. Barsnes, *J. Proteome Res. 13(2)* (2014), 1143–1146.
[5] The UniProt Consortium, *Nucleic Acids Res. 45*, (2019), D158–D169.

[6] C. Courrèges, M. Bonnecaze, D. Flahaut, S. Nolivos, R. Grimaud, J. Allouche, Chem. Commun. 57 (2021), 5446–5449.