



Société Française d'Exobiologie

7 – 10 novembre 2023, Grenoble, France

Sels, cellules, et biosignatures

Charly Favreau¹, Alicia Tribondeau², Marie Marugan¹, François Guyot³, Béatrice Alpha-Bazin⁴, Arul Marie¹, Rémy Puppò¹, Thierry Dufour⁵, Arnaud Huguet⁶, Séverine Zirah¹, Adrienne Kish¹

¹ MCAM, MNHN, Paris, adrienne.kish@mnhn.fr ²PhyMA, MNHN, Paris ³IMPMC, MNHN, Sorbonne Université, CNRS, IRD, Paris ⁴DMTS, Université Paris-Saclay, CEA, INRAE, SPI, Bagnols-sur-Cèze ⁵LPP, Sorbonne Université, CNRS, École Polytechnique, Université Paris-Sud, Observatoire de Paris, Paris ⁶METIS, Sorbonne Université, CNRS, EPHE, PSL Paris

Les environnements à forte teneur en sel sont courants dans tout le système solaire. Sur Terre, les cristaux de sel halite (NaCl) peuvent abriter des micro-organismes halophiles piégés dans les inclusions fluides générées lors de la cristallisation ou de l'évaporation de la saumure. On suppose que ces micro-organismes halophiles sont préservés et restent même viables sur de longues périodes, bien que la durée exacte de leur viabilité ne soit pas encore claire^[1]. Les mécanismes moléculaires impliqués dans leur acclimatation aux conditions des inclusions fluides de halite sont encore mal compris et soulèvent des questions importantes concernant la viabilité, l'activité et le métabolisme des cellules, ainsi que les modifications structurelles après leur piégeage. Il faut répondre à ces questions pour comprendre les limites de la vie sur Terre et pour évaluer avec précision le potentiel biologique des sels extra-terrestres.

Les saumures saturées, les changements induits chez les halophiles immédiatement pendant ou immédiatement après la réhydratation et les difficultés associées à l'isolement de biomolécules à partir d'inclusions fluides de halite (sans contamination par des cellules ou des biomolécules liées à la surface) posent tous des défis techniques importants pour le développement d'approches analytiques reproductibles. Les études précédentes se sont principalement concentrées sur l'isolement de l'ADN, avec différentes méthodologies utilisées pour extraire et analyser l'ADN à partir de cristaux nettoyés en surface^[2,3]. Cependant, l'extraction d'autres biomolécules telles que les protéines et l'ARN n'a pas été rapportée, malgré les analyses protéomiques et transcriptomiques approfondies disponibles pour les cultures liquides de l'haloarchaeon modèle *Halobacterium salinarum* str. NRC-1^[4,5].

Nouvelle boîte à outils "-omics" pour les inclusions salines : Pour surmonter ces difficultés, nous avons développé une nouvelle boîte à outils pour l'extraction et l'analyse de biomolécules par des approches "-omiques" directement à partir de la halite, en utilisant comme système modèle des cellules de *H. salinarum* piégées expérimentalement à l'intérieur d'inclusions fluides. Nous présenterons ici deux nouvelles méthodes : (1) le nettoyage de surface étendu de la halite pour éliminer les biomolécules fixées à la surface (au-delà de l'ADN), et (2) l'extraction et le dessalage des biomolécules directement à partir des inclusions de saumure de halite pour les analyses "-omiques" par spectrométrie de masse^[6]. Cette nouvelle boîte à outils permettra de mieux comprendre l'acclimatation moléculaire des halophiles dans la halite dans diverses conditions (échantillons cultivés en laboratoire ou naturels), ainsi que d'analyser de petits cristaux de halite (centimètres).

Nous avons appliqué ces nouvelles méthodes pour déterminer comment le protéome exprimé de *H. salinarum* est modifié après avoir été piégé dans des inclusions fluides de halite. Bien que cette étude ne résolve pas la question de savoir combien de temps les halophiles peuvent rester viables dans les halites, les résultats apportent un éclairage nouveau et important sur les mécanismes de survie des halophiles dans les halites.

Références

- [1] Jaakkola S et al. (2016) *Trends Microbiol* 24,148-60
- [2] Gramain A et al. (2011) *EnviroMicrobiol* 13,2105-21
- [3] Sankaranarayanan K et al. (2011) *PlosOne* 6,e20683
- [4] Whitehead K. et al. (2006) *Mol Syst Biol* 2, 47.
- [5] Schmid A et al. (2007) *Genome Res* 17,1399-1413
- [6] Favreau C et al. (2023) *Front Microbiol* 13,1075274