

IBS ACTUALITES

Lettre Scientifique
d'Information de
l'Institut de Biologie Structurale
Jean-Pierre Ebel

Institut de Biologie Structurale J.P. Ebel
41, rue Jules Horowitz
F-38027 GRENOBLE Cedex 1
Tél. +33 (0)4 38 78 95 50 - Fax +33 (0)4 38 78 54 94
www.ibs.fr

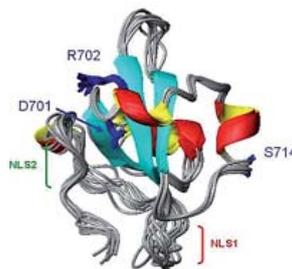
n° 1

MARS 2007

Zoom sur ...

La structure du domaine C-ter de la polymérase du virus de la grippe aviaire

Certaines mutations de la sous-unité PB2 de la polymérase du virus de la grippe aviaire jouent un rôle important pour le passage de la barrière inter-espèces. Jusqu'à présent, aucune structure à haute résolution n'était disponible pour expliquer le rôle de ces résidus. Une structure à haute résolution du domaine C-ter de PB2, portant un signal de localisation nucléaire, vient d'être obtenue par RMN à l'IBS en collaboration avec l'EMBL et la plateforme ESPRIT du PSB. Cette structure montre que les trois résidus importants pour le passage de la barrière inter-espèces se retrouvent exposés à la surface de la protéine. La comparaison des mesures d'affinité à la protéine d'import nucléaire (Importine α) obtenus par calorimétrie (ITC) pour les différents mutants ainsi que des mesures de dynamique par RMN permet de proposer une corrélation entre les différences d'affinités observées et le rôle joué par ces résidus dans la stabilisation du fragment portant le signal de localisation nucléaire..



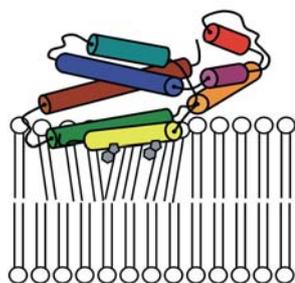
Structure and nuclear import function of the C-terminal domain of influenza virus polymerase PB2 subunit.

Nat Struct Mol Biol. 2007 Mar; 14(3):229-33.

Tarendeau F, Boudet J, Guilligay D, Mas PJ, Bougault CM, Boulo S, Baudin F, Ruigrok RW, Daigle N, Ellenberg J, Cusack S, Simorre JP, Hart DJ.

L'interaction protéine-membrane

Les protéines membranaires sont difficiles à manipuler. Leur caractère hydrophobe nécessite l'utilisation de détergents et de lipides aux propriétés physico-chimiques complexes. Pour ces raisons et malgré leur grande importance, très peu de structures à haute résolution ont été résolues jusqu'à présent. C'est pourquoi il paraît intéressant de développer de nouvelles approches complémentaires permettant de donner des informations de structure. L'une d'elles associe la spectrométrie de masse à l'échange hydrogène/deutérium pour caractériser des régions d'interaction (protéine-protéine ou protéine-membrane), ou subissant des changements de conformation. En collaboration avec l'IRTSV, la région d'interaction entre l'apomyoglobine (protéine amphitropique modèle, d'un repliement proche de certains domaines de translocation de toxine) et des vésicules lipidiques vient d'être déterminée finement par cette approche. Ce développement est actuellement appliqué aux domaines de translocation de la



toxinediphthérique et de la toxine botulique dans le cadre du programme CEA-DSV « Signalisation et transport membranaires » et ouvre la voie à l'étude structurale de protéines membranaires.

Defining the interacting regions between apomyoglobin and lipid membrane by hydrogen/deuterium exchange coupled to mass spectrometry.

J Mol Biol. 2007 Feb 13.

Man P, Montagner C, Vernier G, Dublet B, Chenal A, Forest E, Forge V.

EDITO

C'est avec plaisir que j'introduis ce premier numéro de *IBS Actualités*, en espérant qu'il sera le premier d'une longue série.

L'IBS existe depuis 15 ans. Une première phase de développement très fructueuse a permis la mise en place de méthodes, d'instrumentations et de thématiques scientifiques.

La reconnaissance internationale de nos travaux nous permet d'être présents dans les grands programmes nationaux et Européens. Le partenariat avec les instituts Européens du site catalysera des collaborations scientifiques fortes par des intérêts scientifiques communs et par le partage de plateformes ou d'expertises.

Anticiper l'évolution de la biologie structurale pour les 10 prochaines années, et rester à la pointe au niveau international, sont les raisons qui m'ont motivée pour engager en 2006 la réflexion sur l'avenir de l'IBS. Cette réflexion collective a stimulé un brassage d'idées et fait naître, entre autres, l'idée d'un journal IBS. Un grand merci à tous ceux qui ont contribué à sa réalisation.

Dernières publications

Reversible Redox- and Zinc-Dependent Dimerization of the Escherichia coli Fur Protein

D'Autréaux B, Pecqueur L, Gonzalez de Peredo A, Diederix R, Caux-Thang C, Tabet I, Bersch B, Forest E, Michaud-Soret I. *Biochemistry*; 46; 1329-1342

Molecular organization of human ficolin-2.

Hummelshoj T, Thielens NM, Madsen HO, Arlaud GJ, Sim RB, Garred P. *Mol. Immunol.* 44, 401-411.

Modified low density lipoproteins differentially bind and activate the C1 complex of complement.

Biro A, Thielens NM, Cervenak L, Prohaska Z, Füst G, Arlaud G. *Mol. Immunol.* 44, 1169-1177.

Structural insights into the innate immune recognition specificities of L- and H-ficolins.

Garlatti V, Belloy N, Martin L, Lacroix M, Matsushita M, Endo Y, Fujita T, Fontecilla-Camps JC, Arlaud GJ, Thielens NM, Gaboriaud C. *EMBO J.* 26, 623-633.

Structural view of glycosaminoglycan-protein interactions.

Imberty A, Lortat-Jacob H, Perez S. *Carbohydrate research* 342, 430-439.

Solution structure of NOD1 CARD and mutational analysis of its interaction with the CARD of downstream kinase RICK.

Manon F, Favier A, Nunez G, Simorre JP, Cusack S. *J. Mol. Biol.*; 365; 160-174.

Direct Observation of Dipolar Couplings and Hydrogen Bonds across a beta-Hairpin in 8 M Urea

Meier S, Strohmeier M, Blackledge M, Grzesiek S. *J. Am. Chem. Soc.*; 129; 754-755.

The influence of nitrogen-15 proton-driven spin diffusion on the measurement of nitrogen-15 longitudinal relaxation times.

Giraud N, Blackledge M, Bockmann A, Emsley L. *J. Magn. Reson.*; 184; 51-61.

UltraSOFAST HMQC NMR and the Repetitive Acquisition of 2D Protein Spectra at Hz Rates

Gal M, Schanda P, Brutscher B, Frydman L. *J. Am. Chem. Soc.*; 129; 1372-1377.

High-Accuracy Distance Measurement between Remote Methyls in Specifically Protonated Proteins

Sounier R, Blanchard L, Wu Z, Boisbouvier J. *J. Am. Chem. Soc.*; 129; 472-473.

The concept of resolution in the domain of rotations

S. Trapani S, Siebert X, Navaza J. *Acta Cryst.* A63, 126-130.

SCA : Symmetry-based center assignment of 2D projections of symmetric 3D objects

Estrozi L, Trapani S, Navaza J. *J Struct Biol.* 2007 Feb;157(2):339-47

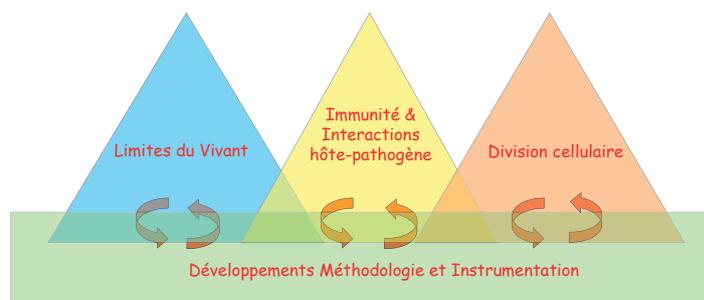
Neutron scattering reveals extremely slow cell water in a Dead Sea organism

Tehei M, Franzetti B, Wood K, Gabel F, Fabiani E, Jasnin M, Zamponi M, Oesterheld D, Zaccai G, Ginzburg M, Ginzburg BZ. *PNAS*, 2007 Jan 16;104(3):766-71.

Axes thématiques

L'IBS se structure autour de 4 grands axes fédérateurs :

- Axe «Limites du vivant»
- Axe «Immunité et interactions hôte-pathogène»
- Axe «Division Cellulaire»
- Axe «Méthodologies et Instrumentations»



Rencontres scientifiques

- La prochaine journée scientifique de l'IBS se déroulera le Vendredi 20 avril 2007, au Château de la Beaume à Seyssins.
- Le Xème Colloque de la Société Française des Microscopies aura lieu à Grenoble (à la MMNT) du 5 au 8 juin 2007. Tous les organismes de recherche grenoblois (CNRS, CEA, INPG, UJF) participent à son organisation, avec notamment une participation financière de DSV et la présence d'une chercheuse de l'IBS dans le comité d'organisation (en charge de l'aspect Biologie)

Directeur de la publication

Comité de rédaction

Correspondants dans les labos

E.Pebay-Peyroula

G.Arlaud, J.Boisbouvier, G.Eminet, E.Forest, O.Kaikati, JL.Parouty

P.Amara, JP.Andrieu, J.Boisbouvier, E.Forest, F.Gabel, I.Garcia-Saez, E.Neumann, J.Peters, D.Skoufias, T.Vernet,

LCCP et LPM : correspondant à désigner

Autres contributeurs E.Pebay-Peyroula, JP.Simorre.