

IBS ACTUALITES



Retrouvez la Lettre Scientifique d'Information de
l'Institut de Biologie Structurale sur :
<http://www.ibs.fr/presentation/lettre-d-info/>

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

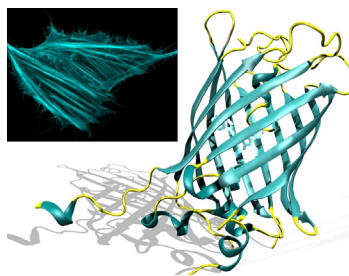
n°26

JUIN 2012

Zoom sur ...

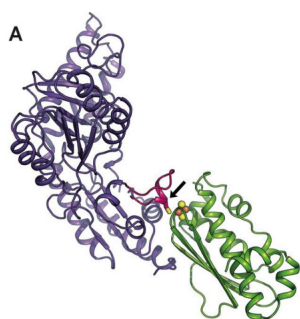
Conception rationnelle d'une protéine fluorescente cyan remarquablement efficace

Les protéines fluorescentes constituent de très bons biomarqueurs de localisation et sont indispensables à l'utilisation de certaines techniques d'imagerie cellulaire. Les protéines fluorescentes cyan (CFP) et jaunes (YFP) sont utilisées pour visualiser, par la technique dite de FRET, des interactions protéine-protéine ou des changements conformationnels dans des réactions en cascade de signalisation cellulaire. Malheureusement, les CFP ont longtemps souffert d'un faible niveau de fluorescence. Des chercheurs du groupe DYNAMOP de l'IBS, en collaboration avec l'ESRF, l'Université d'Amsterdam et celle d'Oxford ont voulu comprendre quelle était l'origine de cette faible efficacité de fluorescence. Les chercheurs de Grenoble et Oxford ont caractérisé la dynamique structurale de plusieurs CFP au niveau de fluorescence variable et repéré les régions de la protéine responsables de son efficacité de fluorescence. Grâce à une méthode innovante de caractérisation de mutants à haut débit, les chercheurs d'Amsterdam ont pu ensuite développer une CFP, dénommée mTurquoise2, dont l'efficacité de fluorescence, en termes d'intensité et de durée de vie, est la meilleure jamais obtenue pour cette famille de protéines.



Structure-guided evolution of cyan fluorescent proteins towards a quantum yield of 93%. Goedhart J, von Stetten D, Noirclerc-Savoye M, Lelimosin M, Joosen L, Hink MA, van Weeren L, Gadella TWJ and Royant A. *Nature Communications* 3:751

La structure du complexe (IscS-IscU)₂ apporte un éclairage sur l'assemblage et le transfert des cofacteurs protéiques contenant du fer et du soufre



Des cofacteurs protéiques contenant du fer et du soufre sont présents dans la majorité des processus métaboliques comme, par exemple, la photosynthèse, la respiration cellulaire et le cycle de Krebs. On sait depuis peu que l'assemblage des centres Fe(2)S(2) et Fe(4)S(4) biologiques n'a pas lieu spontanément mais fait appel à des machineries spécifiques telles que le système ISC (Iron Sulfur Cluster). ISC est composé d'une enzyme capable d'obtenir du soufre à partir de l'acide aminé cystéine libre (IscS), d'un donneur de fer encore non identifié et d'une protéine « échafaudage » où le centre fer-soufre est assemblé (IscU). Nous avons résolu la

structure tridimensionnelle d'un complexe IscS-IscU contenant un centre Fe(2)S(2). De façon surprenante, le résidu de cystéine d'IscS, qui normalement transmet le soufre à IscU, est ligand de ce centre métallique dans notre structure. Nous avons aussi réalisé des calculs basés sur la structure du complexe IscS-IscU pour comprendre comment, une fois assemblé, le centre Fe(2)S(2) est transféré aux protéines cibles.

(IscS-IscU)₂ complex structures provide insights into Fe2 S2 biogenesis and transfer. Marinoni EN, de Oliveira JS, Nicolet Y, Raulfs EC, Amara P, Dean DR and Fontecilla-Camps JC. *Angewandte Chemie International Edition*, 51: 5439-5442

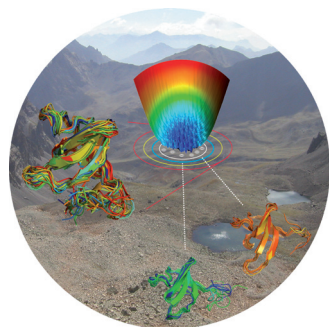
EDITO

La nomination de Geneviève Fioraso comme Ministre de la recherche a été une surprise très agréable. J'ai eu l'occasion de travailler avec elle dans le cadre de GIANT et du projet IBS2. Je suis sûre que son engagement et sa proximité de terrain en feront une excellente Ministre de la Recherche. Je suis aussi très fière de voir une Grenobloise à une telle fonction, face à la centralisation inévitable de notre système de gouvernance, nous nous sentirons un peu moins provinciaux. Souhaitons que nous pourrions tirer profit de l'expérience de la recherche sur appels à projets acquise au cours des dernières années. Cette expérience combinée à l'existence d'unités de recherche structurantes, telle que l'IBS, permettra d'évoluer vers un système de financement équilibré. Je suis persuadée que les deux modes de financement, récurrent et projets, sont nécessaires.

Eva Pebay-Peyroula

Caractérisation détaillée par RMN du paysage conformationnel du domaine SH3C de la CD2 Associated Adapter Protein

Une description complète de la relation entre structure et fonction des protéines nécessite une compréhension de la nature et du rôle de la dynamique conformationnelle. La nature et l'amplitude des fluctuations conformationnelles sur des échelles de temps physiologiquement importantes, entre la nanoseconde et la milliseconde, reste une question ouverte et importante. En réponse à ce problème, le groupe du Flexibilité et Dynamique des Protéines a développé deux approches orthogonales basées sur la mesure des couplages dipolaires résiduels (CDRs) par RMN, l'un se basant sur la modélisation analytique du mouvement de chaque acide aminé, l'autre utilisant les méthodes de dynamique moléculaire accélérée.



Ces deux méthodes ont été appliquées au domaine SH3C de CD2 Associated Protein (CD2AP). Plus de 1900 CDRs ont été mesurés, et combinés avec des mesures de relaxation de spin, pour aboutir à une description complète et convergente de la dynamique de cette protéine à résolution atomique sur des échelles de temps allant de la piko à la milliseconde. Cette description précise du paysage conformationnel de la protéine a permis de mettre en évidence les fluctuations dans les sites d'interaction ayant des temps de corrélation entre

la nano et la microseconde et qui sont invisibles aux approches existantes. L'étude du comportement de la protéine en complexe avec l'ubiquitine permettra de mieux comprendre le rôle physiologique de ces mouvements.

Multi-Timescale Conformational Dynamics of the SH3 Domain of CD2-Associated Protein using NMR Spectroscopy and Accelerated Molecular Dynamics. Salmon L, Pierce L, Grimm A, Ortega Roldan JL, Mollica L, Jensen MR, van Nuland N, Markwick PR, McCammon JA, Blackledge M. *Angew Chem Int Ed Engl.* 2012 May 8;doi: 10.1002/anie.201202026.

Dernières publications

Articles

A peptidoglycan fragment triggers beta-lactam resistance in *Bacillus licheniformis*. Amoroso A, Boudet J, Berzigotti S, Duval V, Teller N, Mengin-Lecreulx D, Luxen A, Simorre JP and Joris B. *PLoS Pathogens*, 8: e1002571

Amphipol mediated surface immobilization of FhuA: a platform for label-free detection of the bacteriophage protein pb5. Basit H, Shivaji Sharma K, Van der Heyden A, Gondran C, Breyton C, Dumy P, Winnik FM and Labbe P. *Chemical Communications*, in press

Association of RrgA and RrgC into the *Streptococcus pneumoniae* pilus by sortases C-2 and C-3. El Mortaji L, Fenel D, Vernet T and Di Guilmi AM. *Biochemistry*, 51: 342-352

Backbone and side-chain (¹H, (¹⁵N and (¹³C assignment of apo- and imipenem-acylated L: ,D: -transpeptidase from *Bacillus subtilis*. Lecoq L, Bougault C, Kern T, Hugonnet JE, Veckerle C, Pessey O, Arthur M and Simorre JP. *Biomolecular NMR Assignments*, 20: 850-861

Biochemical and structural characterization of the *Arabidopsis* bifunctional enzyme dethiobiotin synthetase-diaminopelargonic acid aminotransferase: Evidence for substrate channeling in biotin synthesis. Cobessi D, Dumas R, Pautre V, Meinguet C, Ferrer JL and Alban C. *Plant Cell*, 24: 1608-1625

Calcium-dependent complex formation between PBP2 and lytic transglycosylase SltB1 of *Pseudomonas*

***aeruginosa*.** Nikolaidis I, Izore T, Job V, Thielens N, Breukink E and Dessen A. *Microbial Drug Resistance*, in press

Compensated second-order recoupling: application to third spin assisted recoupling. Giffard M, Hediger S, Lewandowski JR, Bardet M, Simorre JP, Griffin RG and De Paepe G. *Physical Chemistry Chemical Physics*, 14: 7246-7255

Complete genomic sequence and taxonomic position of eel virus European X (EVEX), a rhabdovirus of European eel. Galinier R, van Beurden S, Amilhat E, Castric J, Schoehn G, Verneau O, Fazio G, Allienne JF, Engelsma M, Sasal P and Faliex E. *Virus Research*, 166: 1-12

Conformational states of a bacterial alpha(2)-macroglobulin resemble those of human complement C3. Neves D, Estrozi LF, Job V, Gabel F, Schoehn G and Dessen A. *PLoS ONE*, 7: e35384

Disentangling the coil: Modulation of conformational and dynamic properties by site-directed mutation in the non-native state of hen egg white lysozyme. Sziegat F, Silvers R, Hahnke M, Jensen MR, Blackledge M, Wirmer-Bartoschek J and Schwalbe H. *Biochemistry*, in press

DNA photolyase: Is the nonproductive back electron transfer really much slower than forward transfer? Brettel K and Byrdin M. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, in press

Dynamics induced by beta-lactam antibiotics in the active site of *Bacillus subtilis* 1,d-transpeptidase.

Lecoq L, Bougault C, Hugonnet JE, Veckerle C, Pessey O, Arthur M and Simorre JP. *Structure*, 20: 850-861

Flexible-meccano: a tool for the generation of explicit ensemble descriptions of intrinsically disordered proteins and their associated experimental observables.

Ozenne V, Bauer F, Salmon L, Huang JR, Jensen MR, Segard S, Bernado P, Charavay C and Blackledge M. *Bioinformatics*, 28: 1463-1470

Impact of human adenovirus type 3 dodecahedron on host cells and its potential role in viral infection.

Fender P, Hall K, Schoehn G and Blair GE. *Journal Of Virology*, 86: 5380-5385

Impaired transport of nucleotides in a mitochondrial carrier explains severe human genetic diseases.

Ravaud S, Bidon-Chanal A, Blesneac I, Machillot P, Juillan-Binard C, Dehez F, Chipot C and Pebay-Peyroula E. *ACS Chemical Biology*, in press

Intrinsically disordered proteins: From sequence and conformational properties toward drug discovery.

Rezaei-Ghaleh N, Blackledge M and Zweckstetter M. *ChemBiochem*, 13: 930-950

Isolation and analysis of cell wall components from *Streptococcus pneumoniae*.

Bui NK, Eberhardt A, Vollmer D, Kern T, Bougault C, Tomasz A, Simorre J-P and Vollmer W. *Analytical Biochemistry*, 421: 657-666

Modulation of structure and dynamics by disulfide bond formation in unfolded states.

Silvers R, Sziegat F, Tachibana H, Segawa S, Whittaker S, Gunther UL, Gabel F, Huang JR, Blackledge M, Wirmer-Bartoschek J and Schwalbe H. *Journal of the American Chemical Society*, 134: 6846-6854

Nanobodies targeting mouse/human VCAM1 for the nuclear imaging of atherosclerotic lesions.

Broisat A, Hernot S, Toczek J, De Vos J, Riou LM, Martin S, Ahmadi M, Thielens N, Wernery U, Caveliers V, Muyldermans S, Lahoutte T, Fagret D, Ghezzi C and Devoogdt N. *Circulation Research*, 110: 927-937

Non-ionic amphiphilic homopolymers: Synthesis, solution properties and biochemical validation.

Sharma KS, Durand G, Gabel F, Bazzacco P, Le Bon C, Billon-Denis E, Catoire LJ, Popot JL, Ebel C and Pucci B. *Langmuir*, 28: 4625-4639

Oligomeric status and nucleotide binding properties of the chloroplast ATP/ADP transporter 1: towards a molecular understanding of the transport mechanism.

Deniaud A, Panwara P, Frelet-Barrand A, Bernaudat F, Julian-Binard C, Ebel C, Rolland N and Pebay-Peyroula E. *PLoS ONE*, 7: e32325

Phosphorylation of CpgA enhances both its GTPase

activity and its affinity for the ribosome and is crucial for *Bacillus subtilis* growth and morphology.

Pompeo F, Freton C, Wicker-Planquart C, Grangeasse C, Jault JM and Galinier A. *Journal of Biological Chemistry*, in press

Real-time NMR characterization of structure and dynamics in a transiently populated protein folding intermediate.

Rennella E, Cutuile T, Schanda P, Ayala I, Forge V and Brutscher B. *Journal of the American Chemical Society*, 134: 8066-8069

Reversible photoswitching in fluorescent proteins: A mechanistic view.

Bourgeois D and Adam V. *IUBMB Life*, 64: 482-491

Sampling the conformational energy landscape of a hyperthermophilic protein by engineering key substitutions.

Colletier JP, Aleksandrov A, Coquelle N, Mraih S, Mendoza-Barbera E, Field M and Madern D. *Molecular Biology and Evolution*, 29: 1683-1694

Selective isotopic unlabeled of proteins using metabolic precursors: Application to NMR assignment of intrinsically disordered proteins.

Rasia RM, Brutscher B and Plevin MJ. *ChemBiochem*, 13: 732-739

Sequence-specific mapping of the interaction between urea and unfolded ubiquitin from ensemble analysis of NMR and small angle scattering data.

Huang JR, Gabel F, Jensen MR, Grzesiek S and Blackledge M. *Journal of the American Chemical Society*, 134: 4429-4436

Structural basis of cytotoxicity mediated by the type III secretion toxin exoU from *Pseudomonas aeruginosa*.

Gendrin C, Contreras-Martel C, Bouillot S, Elsen S, Lemaire D, Skoufias DA, Huber P, Attree I and Dessen A. *PLoS Pathogens*, (2012) 8: e1002637

Temperature-dependent vibrational and conformational dynamics of photosystem II membrane fragments from spinach investigated by elastic and inelastic neutron scattering.

Pieper J, Trapp M, Skomorokhov A, Natkaniec I, Peters J and Renger G. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Bioenergetics*, in press

The cell surface proteoglycans syndecan-1 and -4 bind overlapping but distinct sites in the laminin alpha3 LG45 domain.

Carulli S, Beck K, Dayan G, Boulesteix S, Lortat-Jacob H and Rouselle P. *Journal of Biological Chemistry*, 287: 12204-12216

The crystal structure of human alpha(2)-Macroglobulin reveals a unique molecular cage.

Marrero A, Duquerroy S, Trapani S, Goulas T, Guevara T, Andersen GR, Navaza J, Sottrup-Jensen L and Gomis-Ruth FX. *Angewandte Chemie International Edition*, in press

The oligomer plasticity of the small heat-shock protein Lo18 from *Oenococcus oeni* influences its

role in both membrane stabilization and protein protection. Maitre M, Weidmann S, Rieu A, Fenel D, Schoehn G, Ebel C, Coves J and Guzzo J. *Biochemical Journal*, 444: 97-104

The structure of the periplasmic nickel-binding protein NikA provides insights for artificial metalloenzyme design. Cherrier MV, Girgenti E, Amara P, Iannello M, Marchi-Delapierre C, Fontecilla-Camps JC, Menage S and Cavazza C. *Journal of Biological Inorganic Chemistry*, 17: 817-829

The Trypanosoma cruzi virulence factor oligopeptidase B (OPBTc) assembles into an active and stable dimer. Motta FN, Bastos IM, Faudry E, Ebel C, Lima MM, Neves D, Ragno M, Barbosa JA, de Freitas SM and Santana JM. *PLoS ONE*, 7: e30431

Transglutaminase-2 Interaction with Heparin: identification of a heparin binding site that regulates cell adhesion to fibronectin-transglutaminase-2 matrix. Lortat-Jacob H, Burhan I, Scarpellini A, Thomas A, Imberty A, Vives RR, Johnson T, Gutierrez A and Verderio EA. *Journal of Biological Chemistry*, 287: 18005-18017

Transient structure and SH3 interaction sites in an intrinsically disordered fragment of the Hepatitis C virus protein NS5A. Feuerstein S, Solyom Z, Aladag A, Favier A, Schwarten M, Hoffmann S, Willbold D and Brutscher B. *Journal of Molecular Biology*, in press

X-ray crystallographic and computational studies of the O₂-tolerant [NiFe]-hydrogenase 1 from Escherichia coli. Volbeda A, Amara P, Darnault C, Mouesca JM, Parkin A, Roessler MM, Armstrong FA and Fontecilla-Camps JC. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109: 5305-5310

Z-contrast cryo-electron tomography probes shell porosity in multi-shell nanocomposites. Ling WL, Cherns PD, Samuel J, Raccurt O, Poncelet O and Chabli A. *Journal of Nanoparticle Research*, 14: in press

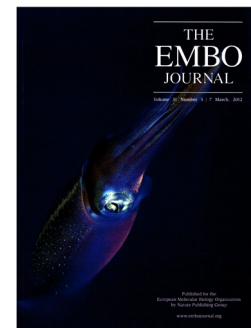
◆ Chapitres de livres

Solid-state NMR of the bacterial cell wall. Bougault C, Hediger S and Simorre J.-P. *Bacterial Glycomics - Current Research, Technology and Applications* edited by C. Reid, S. M Twine and A.N Reid, Caister Academic Press

Prix et distinctions

- Le groupe Channels est partenaire du laboratoire d'excellence ICST «Ion Channel Science and Therapeutics / Canaux Ioniques d'Intérêt Thérapeutique» récemment sélectionné dans la deuxième vague des initiatives d'excellence. Le Labex ICST est un réseau national constitué de 16 équipes (Nice, Montpellier, Grenoble et Lille), dédié à l'enseignement et la recherche dans le domaine des canaux ioniques. Il est doté de huit millions d'euros pour une durée de huit ans,
- Une photographie sous-marine de D. Marion (IBS/NMR) a été retenue parmi une centaine de clichés lors du

concours 2011 de «EMBO Journal» et a fait la couverture d'un numéro de Mars 2012. Les photos retenues pour la couverture sont, soit en liaison avec des expérimentations scientifiques, soit des illustrations de la biodiversité, elles ont toutes en commun une esthétique originale.



Rencontres scientifiques

- Formation au calcul de structure par RMN, du 21 au 25 mai, IBS :** cette formation, menée par les chercheurs du groupe de RMN biomoléculaire de l'IBS et ceux de l'ICSN à Gif-sur-Yvette, visait à donner les bases du calcul de structure biomoléculaire utilisant des données RMN (distances interatomiques et orientations relatives). Cette action de formation nationale CNRS a été suivie par dix-huit stagiaires, thésards, post-docs ou ingénieurs d'études et prise en charge, à l'exception des frais de transport, par la formation permanente du CNRS,
- EMBO Practical Course on the Structural Characterization of Macromolecular Complexes, du 04 juin au 09 juin, ILL :** Carlo Petosa et Guy Schoehn ont co-organisé avec trois autres membres du PSB cet atelier ouvert à tous. Plus d'infos sur <http://events.embo.org/12-characterization/>,

- 1ère Rencontres Nationales de Biologie Moléculaire du Pneumocoque, du 19 au 20 juin 2012, Grenoble:** l'objectif de cette rencontre organisée par Anne-Marie Di Guilmi (IBS/PG) était de mettre en relation les chercheurs français intéressés dans l'étude de processus cellulaires fondamentaux du pneumocoque. Une quarantaine de personnes de Grenoble, Limoges, Lyon, Paris et Toulouse y ont participé,
- Mini-symposium RMN Biomoléculaire, le 17 août de 10 à 12h, IBS :** en marge du congrès international de RMN Biomoléculaire qui se tiendra à Lyon du 19 au 25 août, nous aurons le plaisir d'accueillir à l'IBS le Pr. J. Chou (Harvard Medical School, Boston) expert de l'étude structurale des protéines membranaires par RMN, le Pr. M. Kainosho (Tokyo Metropolitan University) pionnier dans

l'expression et le marquage isotopique des protéines en mode cell-free et Pr. S. Van Doren (University of Missouri, Columbia) spécialiste de l'étude des interactions protéines-protéines impliquées dans l'athérosclérose et le cancer. Contact IBS : J. Boisbouvier / B. Brutscher (IBS/NMR),

• **Mini-colloque «Membranes biologiques et protéines membranaires, du 27 au 31 août 2012, Université Montpellier II** : J.M. Jault (IBS/M&P) fait partie des organisateurs de ce colloque, qui se tiendra dans le cadre des 13eme Journées de la Matière Condensée. Infos et inscriptions sur <http://www.jmc13.univ-montp2.fr/>,

• **NMR methods for the study of structural order and disorder in proteins, du 09 au 14 septembre, Les Houches** : cet atelier est organisé par B. Brutscher (IBS/NMR) dans le cadre d'un réseau ITN européen. Web site: <http://www.idpbynmr.eu/home/network-meetings/idpbynmr-itc-sat-2012.html>,

• **Symposium «Dynamique structurale et structures dynamiques»», du 03 au 05 octobre 2012, ILL Grenoble**: ce symposium, organisé par l'IBS et l'ILL en l'honneur de la carrière scientifique de Joe Zaccai, abordera l'état de l'art et les développements futurs de la spectroscopie et de la diffraction neutronique en biologie. Pour plus d'informations et pour les inscriptions, consultez <http://www.ill.eu/sdds2012>,

• **Congrès SFBBM-SFB 2012 : Mécanismes moléculaires et processus vitaux intégrés, du 21-23 Novembre 2012, Grenoble** : ce congrès réunira environ 300 scientifiques impliqués dans l'élaboration ou l'utilisation de nouvelles méthodologies pour comprendre des processus cellulaires fondamentaux. Plusieurs membres de l'IBS, coordonnés par C. Ebel (IBS/M&P), sont impliqués dans son organisation et son comité scientifique. Pour plus d'informations, consulter <http://sfbbm-sfb2012.org>.

L'IBS fête ses 20 ans en 2012

Le 08 juin 2012, à l'occasion de sa 7eme Journée scientifique, l'IBS a fêté son vingtième anniversaire. La journée s'est déroulée à l'amphi Weil sur le domaine universitaire, en présence de près de 200 membres de l'IBS, rejoints par d'anciens permanents de l'institut.

Huit conférences par de jeunes chercheurs ont ponctué la journée et les doctorants ont également présenté leur travail à travers des séances flashes et des posters.



Une soirée à l'Espace Vie Etudiante tout proche a clôturé cet anniversaire. On n'a pas tous les jours 20 ans !



M. van der Rest, ancien directeur de l'IBS,
E. Pebay Peyroula directrice actuelle et
R. Wade ancien chef de laboratoire



©IBS/O. Kaikati & F. Vellieux

Notez qu'après ces festivités internes, l'IBS conviera l'ensemble de ses partenaires, le **05 octobre prochain**, à une **conférence Midi Minatec** pour célébrer 20 ans de science.

Une conférence à deux voix, par Juan Fontecilla et Joseph Zaccai, a également retracé les raisons qui ont mené à la création de l'IBS et rendu hommage aux femmes et aux hommes qui ont donné son orientation à l'institut et ont contribué à sa notoriété.



J. Fontecilla (responsable du groupe Metallo)



J. Zaccai (ancien chef de laboratoire)

L'IBS en bref

- 250 personnes de plus de trente nationalités différentes
- une centaine de publications par an
- des plate-formes certifiées ISO 9001
- un nouveau bâtiment de 9300m² en 2013
- partenaire dans deux projets « Investissements d'avenir » : FRISBI (Infrastructures nationales de recherche en biologie et santé) et GRAL (Labex)

Contrats obtenus par l'IBS en 2011

◆ Contrats de l'Agence Nationale de la Recherche (ANR)

En 2011, dans le cadre de ses appels à projets, l'ANR a sélectionné au total 15 projets impliquant l'IBS. En plus des 10 projets déjà mentionnés dans le numéro de décembre 2011, l'ANR a retenu :

- Programme ANR RPIB, projet VenomPicoScreen, coordinatrice : Béatrice Schaack
- ANR Programme Blanc international France-Autriche, «RNAfolding: Investigation du repliement de l'ARN et de l'activité chaperone par spectrométrie RMN multidimensionnelle», coordinateur : B. Brutscher
- ANR Programme Blanc, «Bieau : Exploration expérimentale et computationnelle de l'impact de l'eau sur la dynamique des protéines : applications aux protéines

intrinsèquement désordonnées et aux hybrides entre protéines et polymères», coordinateur : M. Weik

- ANR Programme Blanc, «Antibio-T : Développement de nouveaux agents antibactériens et antiparasitaires ayant pour cible la métalloenzyme GcpE», JL Ferrer, partenaire
- ANR Programme accompagnement spécifique de travaux de recherche et d'innovation défense, «Henipastop : Nouvelles stratégies pour bloquer l'infection par les Henipavirus», R. Vives, partenaire

◆ Autres contrats

Citons également :

- Contrat NIH, projet «Sniffer Sensors», contact: M. Vivaudou,
- 3 programme NRBC/CEA, coordinateurs : J.Covès, A. Dessen et M. Weik

Nouveaux arrivants

- Jean-Claude BARBIER a quitté l'IBS pour prendre des nouvelles fonctions à la DRT. Nous lui souhaitons une bonne réussite dans ses nouvelles fonctions,
- Joséphine RAMON nous a rejoints début mai pour exercer la fonction d'adjoint au directeur pour les finances et les ressources humaines,
- Yvette GAUDE est arrivée à l'IBS pour prendre en charge la gestion de la future UMS,

- Alexander PFLUG démarre un post-doc d'un an dans le groupe PATBAC pour travailler sur la formation du pore translocon du système de sécrétion de type III de *P. aeruginosa*,
- Steve WONG est arrivé en tant que post-doc dans le groupe PATBAC. Il étudie un nouveau facteur de virulence chez des pathogènes majeurs.

Soutenance de thèse

- le 15/05 à 14h, Lina Siauciunaite (IBS/M&P) a soutenu sa thèse, intitulée "Exploring new approaches for GPCR studies at the molecular level: application to chemokine receptors",
- le 23/05 à 14h, Hiên Anh Nguyễn (IBS/M&P) a soutenu sa thèse, intitulée "Découverte d'une nouvelle famille de protéines kinases bactériennes : Mécanisme de fonctionnement et rôle cellulaire de YdiB, un représentant chez *B. subtilis*",
- le 29/05 à 14h, Eric Chabrol (IBS/M&P) a soutenu sa thèse, intitulée "Caractérisation fonctionnelle et structurale d'une lectine de type-C des cellules de Langerhans : la Langérine»,

- le 05/06 à 14h, Ali Flayan (IBS/M&P) a soutenu sa thèse, intitulée "Reconnaissance phage-bactérie dans le système phage T5-*E.coli*. Caractérisation biochimique et structurale du complexe FhuA-pb5 et de la protéine caudale pb9",
- le 06/06 à 14h, Romain Talon (IBS/ELMA) a soutenu sa thèse, intitulée "Développement de nouveaux outils pour la détermination de structures de macromolécules biologiques par diffraction : application aux protéines membranaires et aux grands complexes protéiques",
- le 12/06 à 14h, Vera Moiseeva (IBS/Membrane) a soutenu sa thèse, intitulée "Probing the oligomeric organization of the mitochondrial ADP/ATP carrier in native membranes".

Directeur de la publication

E. Pebay-Peyroula

Comité de rédaction

J. Boisbouvier, G. Eminet, E. Forest, J.M. Jault, O. Kaïkati, J. Neyton, J.L. Parouty

Correspondants de groupes

JP. Andrieu, M. Blackledge, J. Boisbouvier, A. Dessen, J.L. Ferrer, F. Fieschi, J. Fontecilla, B. Franzetti, H. Lortat-Jacob, E. Neumann, J. Peters, C. Petosa, A. Remeeva, T. Vernet, M. Vivaudou



Contributeurs aux Zooms de juin : A. Royant, J. Fontecilla, M. Blackledge