

EDITO

L'organisation du GT-BIO 2014 à l'IBS et l'ESRF, a constitué une excellente inauguration scientifique de l'arrivée de l'IBS sur le site EPN. Un grand merci aux organisateurs pour cette magnifique manifestation. Grâce à cet événement, la communauté nationale de biologie structurale a découvert notre nouvelle installation. Ce début prometteur marque mon dernier éditorial, et me permet d'annoncer la transmission de la direction de l'IBS à mon successeur, Winfried Weissenhorn, en lui souhaitant beaucoup de succès.

Eva Pebay-Peyroula

SOMMAIRE

ZOOMS SUR

- L'enzyme NosI.....p. 2
- La protéine L-ficolinep. 2
- Les aminopeptidases TETp. 2

PUBLICATIONS

.....p. 3-4

CONTRATS NOMINATIONS NOUVEAUTES

.....p. 4

RENCONTRES SCIENTIFIQUES SOUTENANCES FETE DE LA SCIENCE

.....p. 5



© IBS, O.Kaikati et ESRF, C.Argoud

Institut de Biologie Structurale
71 avenue des Martyrs, CS10090
F-38044 GRENOBLE Cedex 9
Tél. +33 (0)4 38 78 95 50- Fax +33 (0)4 38 78 54 94
www.ibs.fr



Directeur de la publication :

E. Pebay-Peyroula

Comité de rédaction :

C. Breyton, O. Kaikati, D. Madern, J. Neyton, C. Petosa, Malene Ringkjøbing-Jensen, J.P. Simorre

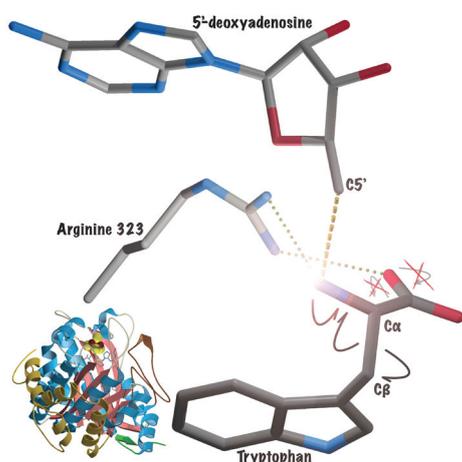
Correspondants pour la rédaction des rubriques :

P. Amarra, M. Blackledge, A. Dessen, J.L. Ferrer, F. Fieschi, B. Franzetti, D. Housset, H. Lortat-Jacob, E. Neumann, H. Nury, J. Peters, C. Petosa, J.P. Simorre, T. Vernet, M. Vivaudou

Contributeurs aux zooms de ce numéro :

Alexandre Appolaire, Y. Nicolet, N. Thielens

ZOOM SUR...


LA PROTÉINE NOSL RESPONSABLE D'UNE ATTAQUE RADICALE INATTENDUE SUR LE TRYPTOPHANE

L'enzyme tryptophane lyase NosL utilise un mécanisme radicalaire pour transformer le tryptophane en acide 3-méthyl-2-indolique (MIA), élément de base pour la synthèse de l'antibiotique Nosiheptide. NosL appartient à la famille des protéines à radical S-adenosyl-L-méthionine (SAM). Elle a la particularité de pouvoir rompre une liaison C-C, comme ses proches cousines HydG et ThiH respectivement impliquées dans la maturation du site actif des hydrogénases à fer-fer et dans la synthèse du cycle thiazole de la vitamine B1. En combinant la détermination de sa structure cristallographique et des calculs de chimie théorique, le groupe METALLO de l'IBS a pu établir que le mécanisme de rupture radicalaire de la liaison C-C n'est pas du tout celui proposé dans la littérature. En effet, l'attaque radicalaire ne se fait pas sur l'atome d'azote du cycle indole de l'acide aminé mais sur son groupement amine. Ce mode d'action est partagé par les protéines ThiH et HydG pour la transformation de leur substrat tyrosine. C'est la première fois qu'une enzyme à radical SAM est décrite comme capable d'activer son substrat sur un atome autre qu'un carbone. Par ailleurs, cette structure cristallographique permettra d'avancer dans la compréhension du mécanisme de production de MIA. Le Nosiheptide étant très prometteur dans le traitement des maladies provoquées par

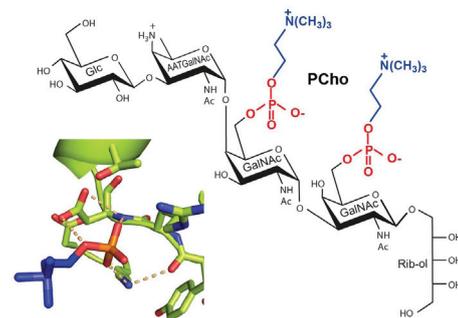
de pathogènes résistants aux antibiotiques actuels, la manipulation génétique de NosL devrait pouvoir aider à la synthèse de dérivés de cet antibiotique avec des propriétés bactéricides nouvelles.

Crystal Structure of Tryptophan Lyase (NosL): Evidence for Radical Formation at the Amino Group of Tryptophan. Nicolet Y, Zepieri L, Amara P and Fontecilla-Camps JC. *Angewandte Chemie International Edition* 53(44):11840-4.

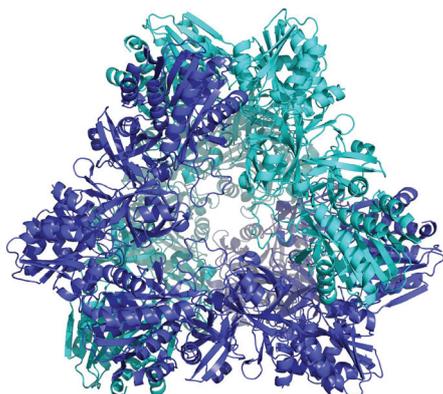
RECONNAISSANCE DE MOTIFS DE SURFACE DU PNEUMOCOQUE PAR UNE PROTÉINE DE L'IMMUNITÉ INNÉE

Streptococcus pneumoniae est un agent pathogène humain majeur responsable de maladies invasives mortelles. Afin d'identifier de nouvelles cibles thérapeutiques pour lutter contre les infections à pneumocoque, il convient de déchiffrer le réseau complexe d'interactions entre les composants de la surface bactérienne et les molécules de l'immunité innée. La voie lectine du complément joue un rôle crucial dans la défense anti-pneumococcique par sa capacité à opsoniser les bactéries, favorisant ainsi leur phagocytose. Les groupes PG et IRPAS collaborent étroitement depuis plusieurs années à l'étude des interactions entre les collagènes de défense du complément et les molécules de la surface du pneumocoque.

Les travaux présentés s'intéressent au mécanisme de reconnaissance de cette bactérie pathogène par la L-ficoline, protéine à l'origine de l'activation de la voie lectine du complément. Nous avons caractérisé les bases moléculaires et structurales de l'interaction entre la L-ficoline et les acides téichoïques, des polysaccharides composant avec le peptidoglycane la paroi bactérienne, via notamment les résidus phosphocholine. Cette reconnaissance conduit à l'activation de la voie lectine du complément. Ces résultats indiquent que la L-ficoline est impliquée dans les mécanismes de défense de l'hôte contre les infections à pneumocoque et identifient une nouvelle protéine de l'hôte capable de se lier à la phosphocholine.



Human L-ficolin recognizes phosphocholine moieties of pneumococcal teichoic acid. Vassal-Stermann E., Lacroix M., Gout E., Laffly E., Pedersen C.M., Martin L., Amoroso A., Schmidt R.R., Zähringer U., Gaboriaud C., Di Guilmi A.-M., Thielens N.M. *Journal of Immunology* 2014 Oct 24. pii: 1400127. [Epub ahead of print]

UNE COMBINAISON D'ACTIVITÉS PEPTIDASE RASSEMBLÉES AU SEIN D'UNE NANOMACHINE CELLULAIRE


Les aminopeptidases TET sont des metallopeptidases oligomériques à 12 sous-unités formant des complexes tétraédriques creux. Ces machines cellulaires sont conservées dans les trois règnes du vivant et sont souvent présentes en de multiples exemplaires dans les génomes. Des études *in vivo* chez l'organisme modèle *Pyrococcus horikoshii* et des expériences de co-expression chez *E. coli* ont permis de montrer que certaines peptidases TET s'assemblent pour former un seul et même complexe hétéro-oligomérique. La caractérisation biophysique de ce complexe iso-stœchiométrique associée à des études enzymatique montre qu'il s'agit d'un peptidasome qui associe au sein d'un même sous-compartiment cellulaire des spécificités de substrat différentes. L'édifice est ainsi capable d'hydrolyser plus efficacement des peptides complexes. C'est la première fois qu'une exopeptidase possédant plusieurs sous-unités différentes est caractérisée chez un procaryote. Ce caractère pourrait représenter une marque de l'adaptation des microorganismes abyssaux aux conditions extrêmes qui règnent dans les sources hydrothermales profondes.

The TET2 and TET3 aminopeptidases from *Pyrococcus horikoshii* form a hetero-subunit peptidasome with enhanced peptide destruction properties. Appolaire A, Dura MA, Ferruit M, Andrieu JP, Godfroy A, Gribaldo S and Franzetti B. *Molecular Microbiology*; 94(4):803-14

PUBLICATIONS

Analysis of Relationships between Peptide/MHC Structural Features and Naive T Cell Frequency in Humans. Jean-Baptiste Reiser, François Legoux, Stéphanie Gras, Eric Trudel, Anne Chouquet, Alexandra Leger, Madalen Le Gorrec, Paul Machillot, Marc Bonneville, Xavier Saulquin, and Dominique Housset. *Journal of Immunology*; DOI: 10.4049

Capillary isoelectric focusing hyphenated to native electrospray ionization mass spectrometry for the characterization of Interferon-gamma and variants. Przybylski C., Mokaddem M., Prull-Jahnsen M., Saesen E., Lortat-Jacob H., Gonnet F., Varenne A. and Daniel R. *Analyst*; DOI: 10.1039/C4AN01305K

«CON-CON» assignment strategy for highly flexible intrinsically disordered proteins. Piai A, Hošek T, Gonnelli L, Zawadzka-Kazimierczuk A, Koźmiński W, Brutscher B, Bermel W, Pierattelli R, Felli IC. *Journal of Biomolecular NMR*; 60(4):209-18. doi: 10.1007/s10858-014-9867-6.

Conserved structure and domain organization among bacterial Slc26 transporters. Compton EL, Page K, Findlay HE, Haertlein M, Moulin M, Zachariae U, Norman DG, Gabel F, Javelle A. *Biochemical Journal*; 463(2):297-307

Correlation of the dynamics of native human acetylcholinesterase and its inhibited huperzine A counterpart from sub-picoseconds to nanoseconds. Trapp M, Tehei M, Trovaslet M, Nachon F, Martinez N, Koza MM, Weik M, Masson P, Peters J. *Journal of the Royal Society Interface*; 11(97):20140372

Crystallographic studies of [NiFe]-hydrogenase mutants: towards consensus structures for the elusive unready oxidized states. Volbeda A, Martin L, Barbier E, Gutiérrez-Sanz O, De Lacey AL, Liebgott PP, Dementin S, Rousset M, Fontecilla-Camps JC. *Journal of Biological Inorganic Chemistry*; DOI 10.1007/s00775-014-1203-9

Crystal Structure of HydG from Carboxydotherrmus hydrogenoformans: a Trifunctional [FeFe]-Hydrogenase Maturase. Nicolet Y, Pagnier A, Zeppieri L, Martin L, Amara P and Fontecilla-Camps JC. *ChemBioChem* DOI: 10.1002/cbic.201402661

Deciphering the fine details of C1 assembly and activation mechanisms: mission impossible? Gaboriaud C., Ling W.L., Thielens N.M., Bally I., Rossi V. *Front. Immunol.* 5:565 (pp 1-7).

Design, synthesis and biological evaluation of novel tetrahydroacridine pyridine-aldoxime and -amidoxime hybrids as efficient uncharged reactivators of nerve agent-inhibited human acetylcholinesterase. Kliachyna M, Santoni G, Nussbaum V, Renou J, Sanson B, Colletier JP, Arboléas M, Loiodice M, Weik M, Jean L, Renard PY, Nachon F, Baati R. *European Journal of Medicinal Chemistry*;78:455-67.

Discovery, biological evaluation, and crystal structure of a novel nanomolar selective butyrylcholinesterase inhibitor. Brus B, Košak U, Turk S, Pišlar A, Coquelle N, Kos J, Stojan J, Colletier JP, Gobec S. *Journal of Medicinal Chemistry*; 57(19):8167-79.

Heparan sulfate saccharides modify focal adhesions: Implication in mucopolysaccharidosis neuropathophysiology. Bruyere J., Roy E., Ausseil J., Lemonnier T., Teyre G., Bohl D., Etienne-Manneville S., Lortat-

Jacob H., Heard JM., and Vitry S. *Journal of Molecular Biology* doi: 10.1016/j.jmb.2014.09.012

HNCA+, HNCO+, and HNCACB+ experiments: improved performance by simultaneous detection of orthogonal coherence transfer pathways. Gil-Caballero S, Favier A, Brutscher B. *Journal of Biomolecular NMR*; 60(1):1-9.

Human ficolin-2 recognition versatility extended: an update on its binding to sulphated/phosphated carbohydrates. Laffly E., Lacroix M., Martin L., Vassal-Stermann E., Thielens N.M., Gaboriaud C. *FEBS Letters* (<http://dx.doi.org/10.1016/j.febslet.2014.10.042>)

Human Full-Length Coagulation Factor X and a GLA Domain-Derived 40-mer Polypeptide Bind to Different Regions of the Adenovirus Serotype 5 Hexon Capsomer. Sumarheni S, Hong SS, Josserand V, Coll JL, Boulanger P, Schoehn G, Fender P. *Human Gene Therapy*; 25(4):339-49.

Identification of NOX2 regions for normal biosynthesis of cytochrome b558 in phagocytes - Highlighting essential residues for p22phox binding. Beaumel S, Grunwald D, Fieschi F, Stasia MJ. *Biochemical Journal* 2014 Sep 25. [Epub ahead of print]

Improved oxygen tolerance of the Synechocystis sp. PCC 6803 bidirectional hydrogenase by site-directed mutagenesis of putative residues of the gas diffusion channel. Cano M, Volbeda A, Aubert-Jousset E, Guedeney G, Richaud P, Peltier G and Cournac L. *International Journal of Hydrogen Energy* 39(30): 16872-16884

Low-dose X-ray radiation induces structural alterations in proteins. Borshchevskiy V, Round E, Erofeev I, Weik M, Ishchenko A, Gushchin I, Mishin A, Willbold D, Büldt G, Gordeliy V. *Acta Crystallographica Section D-Biological Crystallography*; 70(Pt 10):2675-85.

Measuring hydrogen exchange in proteins by selective water saturation in (1)H- (15)N SOFAST/BEST-type experiments: advantages and limitations. Rennella E, Solyom Z, Brutscher B. *Journal of Biomolecular NMR*; 60(2-3):99-107.

Phylogenetically Driven Sequencing of Extremely Halophilic Archaea Reveals Strategies for Static and Dynamic Osmo-response. Erin A. Becker, Phillip M. Seitzer, Andrew Tritt, David Larsen, Megan Krusor, Andrew I. Yao, Dongying Wu, Dominique Madern, Jonathan A. Eisen, Aaron E. Darling, Marc T. Facciotti. *Plos Genetics*;10(11)

Profiling sulfation/epimerization pattern of full-length heparan sulfate by NMR following cell culture 13C-glucose metabolic labeling. Peugeot P., Sadir R., Eriksson I., Kjellen L., Simorre J.P., Gans P., and Lortat-Jacob H. *Glycobiology* in press 2014 Oct 21. pii: cwu114

Protein crystal structure obtained at 2.9 Å resolution from injecting bacterial cells into an X-ray free-electron laser beam. Sawaya MR, Cascio D, Gingery M, Rodriguez J, Goldschmidt L, Colletier JP, Messerschmidt MM, Boutet S, Koglin JE, Williams GJ, Brewster AS, Nass K, Hattne J, Botha S, Doak RB, Shoeman RL, DePonte DP, Park HW, Federici BA, Sauter NK, Schlichting I, Eisenberg DS. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*; 111(35):12769-74.

Small angle neutron scattering reveals the assembling mode and oligomeric architecture of TET, a large, dodecameric aminopeptidase. Appolaire A, Girard E, Colombo M, Durá MA, Moulin M, Härtlein M, Franzetti B and Gabel F. *Acta Crystallographica Section D-Biological Crystallography*;70(Pt 11):2983-93

Stable and Terminally Functionalized Glycosaminoglycan Conjugates. Thakar D., Migliorini E., Coche-Guerente L., Sadir R., Lortat-Jacob H., Boturyn D., Renaudet O., Labbe P., and Richter R.P. *Chemical Communications* 50, 15148-15151

Structure-guided simulations illuminate the mechanism of ATP transport through VDAC1. Choudhary OP, Paz A, Adelman JL, Colletier JP4, Abramson J, Grabe M. *Nature Structural & Molecular Biology*; 21(7):626-32

The X-ray Structure of NccX from *Cupriavidus metallidurans* 31A Illustrates Potential Dangers of Detergent Solubilization When Generating and Interpreting Crystal Structures of Membrane Proteins. Ziani W, Maillard AP, Petit-Härtlein I, Garnier N, Crouzy S, Girard E, Covès J. *Journal of Biological Chemistry* 289(45):31160-31172.

Virus particle assembly into crystalline domains enabled by the coffee ring effect. Gebhardt R1, Teulon JM, Pellequer JL, Burghammer M, Colletier JP, Riekkel C. *Soft Matter*;10(30):5458-62.

300-Fold increase in production of the Zn²⁺-dependent dechlorinase TrzN in soluble form via apoenzyme stabilization. Jackson CJ, Coppin CW, Carr PD, Aleksandrov A, Wilding M, Sugrue E, Ubels J, Paks M, Newman J, Peat TS, Russell RJ, Field M, Weik M, Oakeshott JG, Scott C. *Applied and Environmental Microbiology*;80(13):4003-11.

CONTRATS OBTENUS PAR L'IBS EN 2014

En 2014 plusieurs projets de recherche IBS ont été sélectionnés par l'Agence Nationale de la Recherche (ANR) et d'autres organismes nationaux ou internationaux. On citera entre autres :

◆ Contrats nationaux

- ANR, appel à projets générique 2014, Défi « Santé et bien-être », projet **FungiBET** (Etude d'une nouvelle cible thérapeutique anti-fongique potentielle : structure, fonction et inhibition des bromodomaines BET fongiques), coordinateur : Carlo Petosa (IBS/VIC),
- ANR, appel à projets générique 2014, Défi « Santé et bien-être », **projet Orbimp** (Déjouer la résistance aux beta-lactamines des méningocoques et pneumocoques), coordinateur : André Zapun (IBS/PG),
- ANR, appel à projets générique 2014, Défi « Santé et bien-être », projet **BmrA-NMX** (Révéler les détails conformationnels d'une pompe d'efflux membranaire), contact IBS : Stéphanie Ravaud (IBS/MEMBRANE),
- ANR, appel à projets générique 2014, Défi « Santé et bien-être », projet **SerpinGuTarget** (Inhibiteurs bactériens de protéase à serine : nouvelle fonction et potentiel thérapeutique contre les maladies inflammatoires de l'intestin), contact IBS : Véronique Rossi (IBS/IRPAS),

- ANR, appel à projets générique 2014, Défi « Santé et bien-être », projet **Bacterial-Tactis** (Manipulation du trafic membranaire par des pathogènes bactériens), contact IBS : Valentin Gordeliy (IBS/MEMBRANE),
- ANR, appel à projets générique 2014, Défi « Santé et bien-être », **projet ESCRT fission** (Imagerie électrochimique fonctionnelle de systèmes enzymatiques multi-composants organisés sur des virus nano-gabarits), contact IBS : Guy Schoehn (IBS/MEM),
- ANR, appel à projets générique 2014, Défi « Santé et bien-être », **projet FRATISCA**, contact IBS : Juan Fontecilla (IBS/METALLO)
- ANR, **projet CrystalBall**, contact : Antoine ROYANT (IBS/DYNAMOP)
- ANRS, projet «Export nucléaire de la particule ribonucléoprotéique Rev/RRE du VIH», porteur : C. Petosa (IBS/VIC)
- Contrat GRAL «How does phage T5 perforates E. coli call wall?», porteur : Cécile Breyton (IBS/M&P)
- Fondation France Alzheimer, projet «AbAChE», porteur : Jacques-Philippe Colletier (IBS/DYNAMOP)
- Association Vaincre la Mucoviscidose, projet «Etude structure-fonction du pore de translocation du système de sécrétion de type III», porteur : Andrea Dessen (IBS/PATBAC)

◆ Contrats internationaux

- H2020 / ITN-ETN Marie Curie, projet Immunoshape, porteur IBS : F. Fieschi (IBS/M&P)
- Marie Curie Career Integration Grant, projet Neuropenta, porteur : Hugues Nury (IBS/MEMBRANE)

◆ Autres

- financement IMMI-INSERM/AstraZeneca pour le projet « ATI: Peptidoglycan amidotransferase inhibitors », coordinateur: André Zapun (IBS/PG)
- financement NRBC, projet «Prophylaxie et thérapeutique: Inhibition du système de sécrétion de type III», porteur : Andrea Dessen (IBS/PATBAC)
- financement NRBC, projet «Dessein de nouveaux réactivateurs de l'acétylcholinestérase empoisonnée par des organophosphorés: une approche basée sur la dynamique structurale de l'enzyme», porteur : Martin Weik (IBS/DYNAMOP)

NOMINATIONS

- Hugues Lortat-Jacob a été nommé directeur adjoint de l'école doctorale Chimie et Science du Vivant (EDCSV) début septembre 2014,
- Franck Fieschi vient d'être nommé membre du directoire du pôle chimie-biologie-santé (CBS) de la nouvelle Université de Grenoble Alpes.

NOUVEAUTÉS

Un équipement d'optimisation de la croissance cristalline OptiCrys, conçu autour d'une cellule de cristallisation par dialyse à flux continu, est désormais mis à disposition de la communauté scientifique, en tant que plateforme associée à la ligne de lumière FIP-BM30A à l'ESRF (ligne CRG gérée par l'IBS).

RENCONTRES SCIENTIFIQUES
Symposium «Dynamique et structure biomoléculaire vue par spectroscopie RMN», 4 Décembre 2014, IBS

Ce symposium, centré autour de la dynamique et la structure des protéines, a réuni des orateurs internationaux et français, qui utilisent la spectroscopie RMN et des techniques complémentaires, afin de comprendre le rôle de la dynamique dans les processus biomoléculaires. Des présentations d'études de systèmes biologiques (capsides de virus, protéines membranaires, gros assemblages de protéines) seront complétées de présentations des avancées méthodologiques (RMN, fluorescences). L'inscription est obligatoire pour des raisons d'organisation (et gratuite). Plus d'information: <https://sites.google.com/site/nmr2014grenoble/>.

Mini-symposium, Jeudi 11 décembre de 10h30-12h30, IBS

Ce mini-symposium sur le désordre fonctionnel et dynamique des protéines solubles et membranaires impliquées dans la signalisation cellulaire comportera deux séminaires passionnants par deux leaders mondiaux du domaine.

SOUTENANCES

Jeudi 06 novembre à 14h, soutenance de thèse de Zsofia Solyom (IBS/NMR), intitulée « NMR methods for intrinsically disordered proteins – Application to studies of NS5A protein of hepatitis C virus »

Vendredi 21 novembre à 14h30, soutenance de thèse de Christine Hajjar (IBS/M&P), intitulée « Étude fonctionnelle du cœur catalytique membranaire d'enzymes de la famille NOX : Identification de la première NADPH oxydase procaryote »

Mercredi 03 Décembre à 14h, à l'amphi Chadwick de l'ILL, soutenance HDR de ZPaul Schanda (IBS/NMR), intitulée «Protein dynamics studied by solid-state NMR: from protein crystals to entire cell walls and large assemblies»

Jeudi 04 Décembre à 14h, soutenance de thèse de Francesca Coscia (IBS/VIC), intitulée « Protein symmetrization as a novel tool in structural biology »

Vendredi 05 Décembre à 14h, soutenance de thèse de Chanxi Duan (IBS/DYNAMOP), intitulée «Structural insight into photobleaching mechanisms of reversible photoswitchable fluorescent proteins»

Jeudi 11 Décembre à 14h, soutenance de thèse de Jaka Kragelj (IBS/FDP), intitulée «Structure and dynamics of intrinsically disordered regions of MAPK proteins»

Jeudi 11 Décembre à 14h, à l'amphi Chadwick de l'ILL, soutenance de thèse de Mathieu Peugeot (IBS/RMN &SAGAG), intitulée « Etudes structurales par RMN des profils saccharidiques d'héparanes sulfates et de leur régulation cellulaire »

Lundi 15 Décembre à 14h, soutenance de thèse de Alexandre Appolaire (IBS/ELMA), intitulée «Étude des grands assemblages protéolytiques de la famille TET: processus d'oligomérisation et régulation fonctionnelle associée»

Jeudi 18 Décembre à 14h, soutenance de thèse de Widade Ziani (IBS/METALLO), intitulée « Interactions des protéines du complexe de transduction du signal transmembranaire CnrYXH chez *Cupriavidus metallidurans* CH34 »

Vendredi 19 Décembre à 14h, soutenance de thèse de Louise Lassalle (IBS/ELMA), intitulée « Bases moléculaires de l'adaptation piézophile : études structurales et biochimiques d'enzymes clés du métabolisme provenant d'archées et de bactéries isolées dans les fonds marins »

FETE DE LA SCIENCE

En cette année internationale de la cristallographie, la fête de la science a été particulièrement riche et originale en Isère, du 26 septembre au 19 octobre 2014. L'IBS ne pouvait pas manquer ce rendez-vous et proposait deux initiatives :

- Les 02 et 03 octobre, l'opération « Le Vivant, comment ça marche ? » a permis à environ 110 élèves de CM2 de participer à des ateliers ludiques sur les protéines et l'ADN, mis au point par les chercheurs et techniciens de l'IBS et de l'INAC.



- Le 18 octobre, deux visites guidées étaient organisées sur le Campus EPN. À l'IBS, la visite «Au cœur des molécules du vivant» mise au point par des volontaires de l'IBS, l'EMBL, l'UVHCI et l'ESRF a vu défiler environ 140 personnes. Trois ateliers sur la résonance magnétique nucléaire, la microbiologie et la cristallographie ont permis aux visiteurs de mieux comprendre le but de nos recherches et s'exercer à reproduire quelques manipulations habituelles dans nos laboratoires.

Un grand merci à la quarantaine de volontaires qui se sont impliqués pour initier environ 250 personnes au plaisir de la découverte.



© IBS, O. Kaikati