

## EDITO

Une nouvelle année universitaire vient de commencer et les enseignants-chercheurs retournent en cours. C'est avec grand plaisir que je vois beaucoup de chercheurs s'engager dans l'accueil de stagiaires, ainsi que dans l'enseignement, qui est malheureusement souvent perçu comme un fardeau. Je vous encourage au contraire tous à participer aux activités enseignantes et à mettre votre savoir à la disposition de la jeune génération. Les façons d'enseigner changent et de nouvelles idées sont à trouver, dans la salle de cours et au dehors. Un excellent exemple est la nouvelle application pour smartphone « AminoCraft » développée par Eve de Rosny et Véronique Rossi pour apprendre la structure chimique des 20 acides aminés. Nous avons besoin de davantage de telles idées pour inciter les jeunes étudiant.e.s à se tourner vers la biologie structurale.

Winfreid Weissenhorn

## SOMMAIRE

ZOOMS SUR.....	p. 2
Le cinéma moléculaire ultra-rapide.....	p. 2
L'influence de l'empilement cristallin....	p. 2
L'outil Cristalophore.....	p. 2
PUBLICATIONS.....	p. 3
L'APPLICATION AMINOCRAFT.....	p. 3
LABELISATION EQUIPE FRM.....	p. 3
RENCONTRES SCIENTIFIQUES....	p. 4-5
SOUTENANCES.....	p. 5
COURS OUVERTS AU PERSONNEL DU CAMPUS EPN.....	p. 5
NOUVELLES DES AXES.....	p. 5



Une application ludique pour apprendre les acides aminés, développée par des chercheuses de l'IBS

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](http://www.ibs.fr)

Directeur de la publication :

Comité de rédaction :

Correspondants  
pour la rédaction des rubriques :

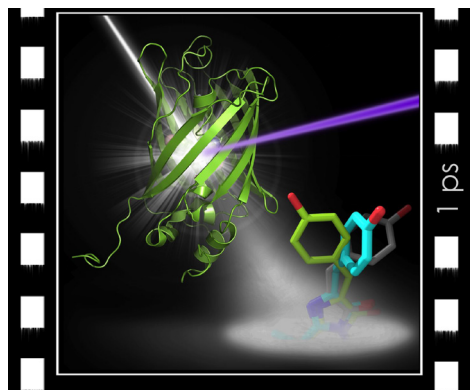
Contributeurs aux zooms de ce numéro :

W. Weissenhorn

C. Breyton, O. Cavoret, D. Madern, J. Neyton, C. Petosa,  
M. Ringkjøbing-Jensen, J.P. Simorre

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

E. Girard, P. Schanda, M. Weik

**ZOOM SUR...**
**CINÉMA MOLÉCULAIRE ULTRA-RAPIDE : VOIR LES PROTÉINES ABSORBER LA LUMIÈRE**


Grâce à un procédé inédit, des scientifiques ont pu filmer les processus ultra-rapides à l'œuvre dans les protéines fluorescentes, largement utilisées comme marqueur en imagerie du vivant. Ce nouveau procédé, qui utilise un laser à électrons libres, permet d'étudier les processus tels que la vision, la bioluminescence et d'autres jusqu'ici inobservables. Grâce à lui, les auteurs ont pu déterminer la structure transitoire d'une protéine fluorescente dans son état excité, et observer le chromophore – la partie de la protéine qui absorbe la lumière – dans un état tordu (« twisté »), à mi-chemin entre les conformations stables des états on et off. Ces travaux, publiés dans *Nature Chemistry*, sont issus d'une collaboration internationale impliquant les scientifiques de l'IBS, des Universités de Lille, Rennes 1 et Paris-Sud, ainsi que les Instituts Max-Planck de Heidelberg et de Göttingen en Allemagne. Le premier laser à électrons libres européen, auquel la France a contribué, a été inauguré le 1er septembre à Hambourg (Allemagne) et l'une des premières expériences prévues sera menée par le consortium auteur de cette étude. Il promet un avenir radieux au cinéma moléculaire.

**Chromophore twisting in the excited state of a fluorescent protein captured by time-resolved serial femtosecond crystallography.** Coquelle N, Sliwa M, Woodhouse J, Schirò G, Adam V, Aquila

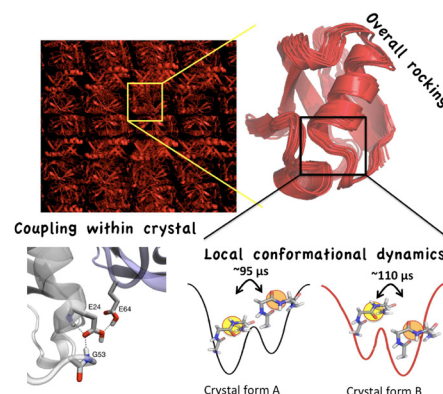
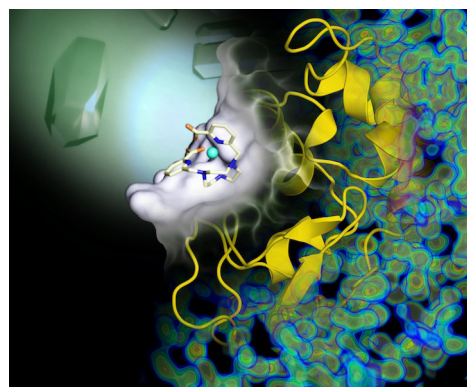
A, Barends T, Boutet S, Byrdin M, Carbajo S, De la Mora E, Doak B, Feliks M, Fieschi F, Foucar L, Guillon V, Hilpert M, Hunter M, Jakobs S, Koglin J, Kovacsova G, Lane TJ, Lévy B, Liang M, Nass K, Ridard J, Robinson J, Roome C, Ruckebusch C, Seaberg M, Thepaut M, Cammarata M, Demachy I, Field M, Shoeman R, Bourgeois D, Colletier J-P, Schlichting I, Weik M. *Nature Chemistry*; DOI: 10.11577/1369545

**COMMENT L'ENVIRONNEMENT CRISTALLIN MODIFIE LE PAYSAGE ÉNERGÉTIQUE DES PROTÉINES**

La compréhension de la fonction des protéines nécessite la caractérisation de leur structure ainsi que leur dynamique. Des milliers de structures « figées » existent dans les banques de données, mais relativement peu d'informations sont disponibles sur leur dynamique. Des avancées récentes en cristallographie permettent d'obtenir ces informations sur les mouvements des protéines dans leur cristal. Néanmoins, une question centrale était à ce jour peu investiguée : Comment l'empilement des protéines dans le cristal influence-t-il sur la dynamique des protéines ?

Des chercheurs des groupes RMN et DYNAMOP de l'IBS, en collaboration avec un groupe à la Purdue University (EU), ont utilisé une combinaison de nouvelles approches de spectroscopie RMN du solide et des longues simulations de dynamique moléculaire pour éclaircir cette question. Cette étude a mis en évidence que les mouvements d'une protéine à des échelles de temps biologiquement importantes sont influencés en effet par le « packing » cristallin. Ces résultats sont importants pour les futures recherches de dynamique moléculaire par cristallographie.

**Slow conformational exchange and overall rocking motion in ubiquitin protein crystals.** Kurauskas V, Izmailov SA, Rogacheva O, Hessel A, Ayala I, Woodhouse J, Shilova A, Xue Y, Yuwen T, Coquelle N, Colletier JP, Skrynnikov NR, Schanda P. *Nature Communications*;8(1):14


**CRISTALLOPHORE, UN OUTIL TOUT-EN-UN POUR LA CRISTALLOGRAPHIE DES PROTÉINES**


La cristallographie des rayons X est une méthode de choix pour déterminer la structure 3D des macromolécules biologiques. En effet, cette méthode est à l'origine de 90 % des structures présentes dans la Protein Data Bank. Comme son nom l'indique, la cristallographie repose sur l'utilisation d'un cristal de bonne qualité qui sera soumis à un rayonnement X. Dans le cas des macromolécules biologiques, l'obtention de tels cristaux reste un processus aléatoire encore mal compris et constitue le point bloquant majeur de la méthode. Le second goulot d'étranglement est inhérent à la méthode puisque lié au processus même de détermination de la structure à partir des données expérimentales (problème de la phase). Ainsi, on estime que seuls 30 % des protéines purifiées produiront des cristaux et qu'un cristal sur deux, qui présente une diffraction satisfaisante, permettra de déterminer la structure d'intérêt.

Dans le cadre d'une collaboration entre le laboratoire de chimie de l'ENS-Lyon et le groupe ELMA de l'IBS, nous avons développé une famille de complexes de lanthanide que nous avons dénommée cristallophore (Xo4). En effet, le premier d'entre eux, Tb-Xo4, facilite la cristallisation des protéines, conduit à l'obtention de conditions de cristallisation uniques et permet la détermination des structures grâce au fort pouvoir phasant des lanthanides. Xo4

est donc un outil unique qui permet de résoudre simultanément les deux verrous majeurs de la bio-cristallographie.

La technologie Xo4 a bénéficié du soutien financier de l'ANR et de la SATT Pulsalys et est protégée par brevet n° WO2017103545. Une licence exclusive a été octroyée à la société POLYVALAN ([www.polyvalan.com](http://www.polyvalan.com)), spin-off de l'ENS-Lyon et de l'IBS, pour la synthèse et la commercialisation de ces molécules.

**Crystallophore: a versatile lanthanide complex for protein crystallography combining nucleating effects, phasing properties, and luminescence.** Engilberge S, Riobe F, Di Pietro S, Lassalle L, Coquelle N, Arnaud CA, Pitrat D, Mulatier JC, Madern D, Breyton C, Maury O, Girard E. *Chemical Science*. DOI: 10.1039/c7sc00758b

**PUBLICATIONS**

 ◇ **Articles**

**A General Mechanism of Photoconversion of Green-to-Red Fluorescent Proteins Based on Blue and Infrared Light Reduces Phototoxicity in Live-Cell Single-Molecule Imaging.** Turkowyd B, Balinovic A, Virant D, Gözl Carnero HG, Caldana F, Endesfelder M, Bourgeois D and Endesfelder U. *Angewandte Chemie International Edition England*; 56, 1-7

**Calreticulin release at an early stage of death modulates the clearance by macrophages of apoptotic cells.** Osman R, Tacnet-Delorme P, Kleman J-P, Millet A and Frachet P. *Frontiers in Immunology*; 8, 1034

**C1q: A fresh look upon an old molecule.** Thielens NM, Tedesco F, Bohlsón SS, Gaboriaud C and Tenner AJ. *Molecular Immunology*; 89:73-83

**Deciphering Structural Photophysics of Fluorescent Proteins by Kinetic Crystallography.** Bourgeois D. *International Journal of Molecular Science*; 18(6), 1187

**Effects of a jasmonic acid derivative on proteoglycan expression and GAG structure: functional and clinical consequences on human skin epidermis.** Henriët E, Jäger S, Tran C, Bastien P, Michelet JF, Mirando AM, Formanek F, Dalko-Csiba M, Lortat-Jacob H, Breton L and Vivès RR. *Biochimica et Biophysica Acta*; 1861, 2250-2260.

**High sodium diet converts renal proteoglycans into pro-inflammatory mediators in rats.** Hijmans RS, Shrestha P, Sarpong KA, Yazdani S, El Masri R, de Jong WHA, Navis G, Vivès RR and van den Born J. *PLoS One*; 12(6): e0178940.

**Lytic EBV infection investigated by detection of Soluble Epstein-Barr virus ZEBRA in the serum of patients with PTLD.** Habib M, Buisson M, Lupo J, Agbalika F, Socié G, Germi R, Baccard M, Imbert-Marcille BM, Dantal J, Morand P and Drouet E. *Scientific Reports*; 7(1):10479

**Methyl-Specific Isotope Labeling Strategies for NMR Studies of Membrane Proteins.** Kurauskas V, Schanda P and Sounier R. *Methods in Molecular and Cellular Biology*; 1635:109-123

**New insights into HCV replication in original cells from *Aedes* mosquitoes.** Fallecker C, Caporossi A, Rehoum Y, Garzoni F, Larrat S, François O, Fender P, Morand P, Berger I, Petit MA, Drouet E. *Virology Journal*; 14(1):161

**Optimized fast mixing device for real-time NMR applications.** Franco R, Favier A, Schanda P and Brutscher B. *Journal of Magnetic Resonance*; 281:125-129.

**Photoswitching of Green mEos2 by Intense 561-nm Light Perturbs Efficient Green-to-Red Photoconversion in Localization Microscopy.** Thédié D, Berardozzi R, Adam V and Bourgeois D. *The Journal of Physical Chemistry Letters*; 4424-4430

**Solid-state NMR H-N(C)-Hand H-N-C-C 3D/4D correlation experiments for resonance assignment of large proteins.** Fraga H, Arnaud CA, Gauto DF, Audin MJC, Kurauskas V, Macek P, Krichel C, Guan JY, Boisbouvier J, Sprangers R, Breyton C and Schanda P. *Chemphyschem*. doi: 10.1002/cphc.201700572

**Structure of the C1 complex of complement.** Arlaud GA, Gaboriaud C, Ling WL and Thielens NM. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*; 114, E5766-E5767.

 ◇ **Livres et chapitres de livres**

**Radical S-adenosyl-L-methionine carbon monoxide and cyanide synthase HydG.** Nicolet Y and Fontecilla-Camps JC. In *Encyclopedia of Inorganic and Bioinorganic Chemistry*, ed R.A. Scott, John Wiley: Chichester. DOI: 10.1002/9781119951438.eibc2506

**Fumarate and Nitrate Reduction Regulator (FNR).** Fontecilla-Camps JC, Volbeda A and Nicolet Y. In *Encyclopedia of Inorganic and Bioinorganic Chemistry*, ed R.A. Scott, John Wiley: Chichester. DOI: 10.1002/9781119951438.eibc2504. Published 19 June 2017.

**AMINOCRAFT POUR APPRENDRE LES ACIDES AMINÉS**

Deux enseignantes-chercheuses de l'IBS, Eve de Rosny (groupe Métalloprotéines) et Véronique Rossi (groupe Réponse immunitaire aux pathogènes et au soi altéré) ont développé AminoCraft, une application pour smartphone ludique et innovante pour apprendre la structure chimique des 20 acides aminés. Elle est disponible gratuitement, en français et en anglais pour Android ou Apple. Son développement a été financé par l'Université Numérique en Région Rhône-Alpes (UNR-RA) et le projet porté par l'UGA.

AminoCraft est une application « embarquée » qui ne nécessite pas de connexion wifi ou mobile. Elle permet ainsi aux étudiants de profiter de leurs temps libres dans les transports, dans la rue, ou à la pause-café pour apprendre les acides aminés tout en jouant sur leur smartphone.

**LABELLISATION EQUIPE FRM**

Le groupe Machines de Réplication Virale (VRM) de Marc Jamin a obtenu un financement de 395 000€ de la FRM qui débutera le 1er octobre pour 3 ans et vise à améliorer notre connaissance des mécanismes de la réplication virale et ouvrir la voie au développement d'antiviraux.

Les interactions protéine-protéine sont au cœur de tous les processus biologiques, y compris de la réplication des virus, et constituent un vaste ensemble largement sous-exploité de cibles thérapeutiques. Différents types d'interface, appelés "motif linéaire", constitués de courtes séquences d'acides aminés contigus sont abondamment utilisés par les virus pour assembler leurs complexes réplcatifs et détourner des machines moléculaires de leurs hôtes. Ce projet vise à : (1) caractériser des interactions protéine-protéine impliquant une interface de ce type au sein de la machine réplcatrice de divers virus ou d'interactions hôte-virus, (2) démontrer que des peptides mimant ces interfaces bloquent la réplication de ces virus et (3) optimiser ces peptides par des méthodes combinatoires d'évolution dirigée afin d'augmenter leur affinité ou d'étendre leur spectre d'activité.

**RENCONTRES SCIENTIFIQUES**
**RETOUR SUR LE SYMPOSIUM DE CRYO-MICROSCOPIE ÉLECTRONIQUE - 06 & 07 JUILLET 2017 - EPN CAMPUS**

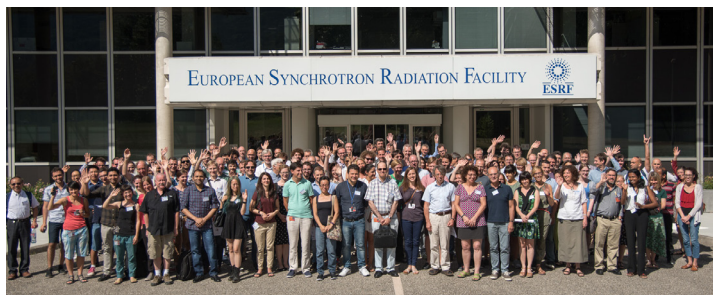
Un symposium focalisé sur la cryo-microscopie électronique et composé de sessions méthodologiques et scientifiques a eu lieu les 6 et 7 juillet 2017 dans l'auditorium de l'ESRF.

Cet évènement a permis, grâce à l'intervention d'experts mondialement reconnus, de montrer l'état de l'art actuel en cryo-microscopie électronique. Il a également été l'occasion de présenter le nouveau microscope électronique dont l'ESRF s'est doté très récemment, un Titan Krios, ainsi que le mode de fonctionnement de la future ligne CM01 de microscopie électronique de l'ESRF ([http://www.esrf.eu/home/UsersAndScience/Experiments/MX/About\\_our\\_beamlines/CM01.html](http://www.esrf.eu/home/UsersAndScience/Experiments/MX/About_our_beamlines/CM01.html)).

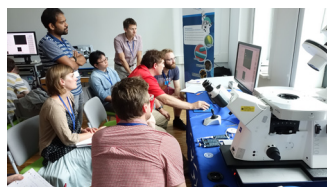
Ce symposium a regroupé 170 personnes chercheurs, ingénieurs, techniciens et partenaires industriels majoritairement originaires de France et d'Europe. Près de 20 orateurs se sont succédés à un rythme soutenu sur une journée et demie. Devant le succès des inscriptions (le nombre limite de participants a été atteint très rapidement) la décision, inédite, a été prise de filmer et retransmettre les présentations des orateurs qui l'autorisait. Ces présentations, toujours disponibles sur You tube ([https://www.youtube.com/playlist?list=PLsWatk2\\_NAmxc4x4Fy4OiXcMVXNNDicje](https://www.youtube.com/playlist?list=PLsWatk2_NAmxc4x4Fy4OiXcMVXNNDicje)), ont rencontré un réel succès (en moyenne 90 vues en direct). Les retours que nous avons eu sur les séminaires et les retransmissions ont tous été très positifs.

Le symposium a été organisé conjointement par les partenaires du campus EPN (ESRF, EMBL, IBS et ILL) avec l'aide administrative de l'ESRF, de l'EMBL et de l'IBS. Cet évènement a été soutenu financièrement par les instituts de l'EPN, par le PSB, le CEA, GRAL, FRISBI et l'UGA et sponsorisé par Thermo Fisher, Gatan, Molecular Dimensions, Mitegen et quantifoil.

Les organisateurs: Stephen Cusack (EMBL), Trevor Forsyth (ILL/Keele), Wojciech Galej (EMBL), Gordon Leonard (ESRF), Marco Marcia (EMBL), Christoph Mueller-Dieckmann (ESRF), Hugues Nury (IBS), Guy Schoehn (IBS), Montserrat Soler-Lopez (ESRF), Jean Susini (ESRF) et Winfried Weissenhorn (IBS).


**RETOUR SUR L'ÉCOLE D'ÉTÉ INTERNATIONALE AFM BIOMED 2017, DU 21 AU 25 AOUT 2017, IBS**

Cette école d'été a proposé une introduction à la microscopie à force atomique dans le domaine des sciences de la vie et de la médecine. Cette 9ème édition a accueilli cette année 23 étudiants de 17 nationalités différentes. Cinq instruments AFM de deux constructeurs étaient présents, permettant ainsi de réaliser 10 travaux pratiques différents allant de l'imagerie haute résolution et haute vitesse à la mécanique cellulaire et en passant par



l'étirement de protéines uniques. Cette école était organisée par Jean-Luc Pellequer (IBS/MEM), en collaboration avec l'ILL. En savoir plus : <http://www.afmbiomed.org/grenoble-2017.aspx>.

**2ÈME JOURNÉES DU GDR GAG, 09-10 OCTOBRE 2017, IBS**

Les 9 et 10 octobre prochains se tiendront à l'IBS les 2èmes journées du GDR GAG. Le GDR GAG rassemble 14 équipes françaises dans les domaines de la chimie, biologie et des approches méthodologiques, dont les travaux de recherche portent sur les polysaccharides complexes de type glycosaminoglycanes. Les principales thématiques développées au sein du GDR visent à étudier la biosynthèse, la structure et les fonctions des GAGs, ainsi que sur les possibilités d'applications thérapeutiques basées sur des mimétiques de ces polysaccharides.

La journée du 9 octobre sera réservée aux membres du GDR, mais la journée scientifique du 10 est ouverte à tous. Le programme et les modalités d'inscription sont consultables sur le site web du GDR.

<https://gagosciences.ibs.fr/Gagosciences/les-journees-du-gdr-1/2017/2emes-journees-du-gdr-gagosciences-10-octobre-2017>.  
Contact : Romain Vives.

**FETE DE LA SCIENCE, 09-21 OCTOBRE 2017, IBS**

La Fête de la Science 2017 se déroulera en Isère du 07 au 15 octobre, avec une petite extension le week end suivant pour le «Parvis des Sciences». A cette occasion, l'Institut de Biologie Structurale proposera trois manifestations :

- « Le Vivant à la loupe » : des ateliers pour 4 classes de CM2 les 09 et 10 octobre (à raison d'une classe par demi-journée, dans un laboratoire du campus santé de la Tronche car EPN campus ne reçoit pas les jeunes de moins de 15 ans),

- « Zoom sur les protéines » : des ateliers pour 4 classes de lycée les 12 et 13 octobre (à raison d'une classe par demi-journée, à l'IBS).

- « Parvis des Sciences » : l'IBS se joint à ses partenaires du campus EPN, le samedi 21 octobre, pour faire découvrir au grand public l'activité scientifique des instituts ESRF, ILL, EMBL, IBS. Dans ce tour d'horizon des recherches en biologie, nanotechnologie, physique, chimie, microélectronique, faites «toute la lumière sur la matière» sur le stand d'EPN Campus,

Si cette aventure vous tente, vous pouvez encore rejoindre l'équipe de volontaires qui animera ces ateliers. Voir tous les contacts sur [http://plone.ibs.fr/dir/communication/manifestations\\_IBS/fete-de-la-science-2017](http://plone.ibs.fr/dir/communication/manifestations_IBS/fete-de-la-science-2017).

**MXIS 2017 : COURS PRATIQUE SUR LA CRISTALLOGRAPHIE IN SITU, AVEC UN ACCENT PARTICULIER SUR LE CRIBLAGE DU LIGAND, 29 NOV. - 1 DÉC. 2017, EPN CAMPUS**

L'atelier MXIS est consacré à la cristallographie in situ, avec un accent particulier sur le criblage des ligands. Cet atelier est organisé en deux parties, chacune d'une durée de 3 jours. Il comprend:

Partie 1 (Montpellier) : présentations au Centre de Biochimie Structurale, suivies de stages pratiques. Sujets: préparation de plaques de cristallisation par la technique de «dry coating», criblage in situ sur une source de laboratoire.

Partie 2 (Grenoble) : présentation à l'Institut de Biologie Structurale et séances pratiques à l'ESRF, sur les lignes de lumière FIP-BM30A et ID30B. Les présentations auront lieu le

premier jour, tandis que les séances pratiques seront organisées en sous-groupes, les 2ème et 3ème jours. Thèmes: diffraction in situ pour le criblage des cristaux et la résolution des structure in situ, traitement des données de diffraction in situ.

La possibilité sera donnée aux participants de pratiquer sur leurs propres échantillons. Une bibliothèque de fragments peut être disponible pour votre échantillon (à confirmer plus tard)

Les candidats devront soumettre un CV court et une lettre de motivation à Jean-Luc Ferrer avant le 08 octobre.

Plus de détails sur <https://workshops.ibs.fr/MXIS-2017> (en construction).

## SOUTENANCES

- **Jeudi 05 octobre à 14h, soutenance de thèse de Julie Bonnet (IBS/Groupe Pneumocoque)**, intitulée «Rôles coopératifs du peptidoglycane et des acides téichoïques dans le remodelage de la paroi et la division cellulaire de *Streptococcus pneumoniae*»,
- **Jeudi 19 octobre à 14h, soutenance de thèse de Charles-Adrien Arnaud (IBS/Groupe Membrane & Pathogènes)**, intitulée «Structure de la queue du phage T5 et mécanisme de perforation de l'enveloppe bactérienne par les *Siphoviridae*».

## COURS OUVERTS AU PERSONNEL EPN

### ◇ Cours «Méthodes émergentes pour la biologie structurale intégrée»

Cette série de cours, qui avait déjà été proposée en 2013 et 2015, reprend en octobre. Les cours ont lieu en anglais dans la salle de séminaire de l'IBS, certains mercredis à 13:00. A la limite de la vulgarisation, les cours s'adressent à tout le personnel IBS intéressé, ainsi qu'à des étudiants en thèse des écoles doctorales CSV et physique. Contacts : Dominique Bourgeois et Michel Vivaudou. Au programme :

- Electrophysiological techniques for membrane proteins, Michel Vivaudou: 18 Octobre
- Time-resolved crystallography: from cryo-trapping to femtosecond XFEL studies, Martin Weik: 08 Novembre
- Nanocrystallography, Jacques-Philippe Colletier: 22 Novembre
- Cellular electron cryomicroscopy and tomography, Winnie Ling: 06 Decembre
- Atomic Force Microscopy : imaging, force, and mechanics, Jean-Luc Pellequer: 20 Decembre
- smFRET fluorescence spectroscopy, Sigrid Milles: 10 Janvier 2018
- Solid-state NMR, Paul Schanda: 24 Janvier
- Molecular modeling & dynamics of proteins, François Dehez : 07 Février
- Characterization of intrinsically disordered proteins at atomic resolution using NMR, Malène Jensen: 28 Février
- Directed Evolution Approaches, Darren Hart, 14 Mars
- SAXS/SANS/WAXS, Anne Martel: 28 Mars

### ◇ Cours «Recent Advances and Applications in Structural Biology»

Dans le cadre du programme du M2 de Biologie Structurale intégrée de l'UGA organisé par Marc Jamin et Rob Ruigrok, des cours ont lieu tous les jeudi de 14 à 15h au bâtiment CIBB, ouverts à tout le personnel EPN :

- 14 Septembre | François PARCY (BIG): Integrated structural biology of flower development
- 21 Septembre | Jo ZACCAI (ILL) :From water to ribosomes: Structural dynamics insights from neutrons
- 28 Septembre | Juan FONTECILLA-CAMPS (IBS): Role of protein-bound iron-sulfur clusters in catalysis and gene expression regulation
- 05 Octobre | Laurent BLANCHOIN (BIG) :Directed cytoskeleton self-organization
- 12 Octobre | Martin WEIK (IBS) : Opportunities for using X-ray free electron lasers in structural biology
- 19 Octobre | Montserrat SOLER- LOPES (ESRF): Structural insights into melanogenesis
- 26 Octobre | Stephen CUSACK (EMBL) : Structural insights into RNA synthesis by the influenza virus transcription/replication machine
- 09 Novembre | Guy SCHOEHN (IBS) : The resolution revolution in electron microscopy
- 16 Novembre | Sigrid MILLES (IBS) : Single molecule fluorescence for structural biology and protein dynamics
- 23 Novembre | Martin BLACKLEDGE (IBS) : NMR of highly dynamic and intrinsically disordered proteins: Beyond classical structural biology
- 30 Novembre | Marco MARCIA (EMBL) : 3D structure determines RNA functions
- 07 Decembre | Wojtek GALEJ (EMBL) : Mechanism and evolution of pre-mRNA splicing

## NOUVELLES DES AXES

### ◇ Réunion d'axe

Les réunions d'axes sont ouvertes à tous et se dérouleront désormais de la façon suivante : elles auront lieu les lundis à 11:30 en salle de séminaire, de façon cyclique (environ une fois/3 semaines par axe, sauf période de vacances scolaires). D'une durée de 30 min plus 15 min de questions, elles seront dénommées «Science sharing IBS». Leur format est libre: projet, résultats récents, publications récentes, problèmes techniques, développements technologiques, synthèse/résumé d'un congrès, etc...

### ◇ Axe Frontières pour la Biophysique et la Chimie en Biologie Structurale (BCBS)

Le prochain Atelier Pratique organisé par l'axe BCBS sera consacrée à la Microscopie Electronique et plus particulièrement à la coloration négative. Il aura lieu le 20 Septembre. L'inscription est gratuite mais obligatoire sur <http://plone.ibs.fr/entites/axe-bcbs/practicals-axe-bcbs> .