

SOMMAIRE

ZOOMS SCIENTIFIQUES.....p. 2-3

- Une stratégie pour améliorer la photostabilité des protéines fluorescentes en microscopie super résolution
- La dynamique des résidus aromatiques d'une protéine de 0.5 MDa vue par RMN du solide
- Dynamique segmentaire dépendante des solvants dans les protéines intrinsèquement désordonnées
- Morphologie cellulaire et dynamique des nucléoïdes chez *D. radiodurans*
- Détermination de la structure à résolution atomique d'un complexe enzymatique en combinant RMN et cryo-ME

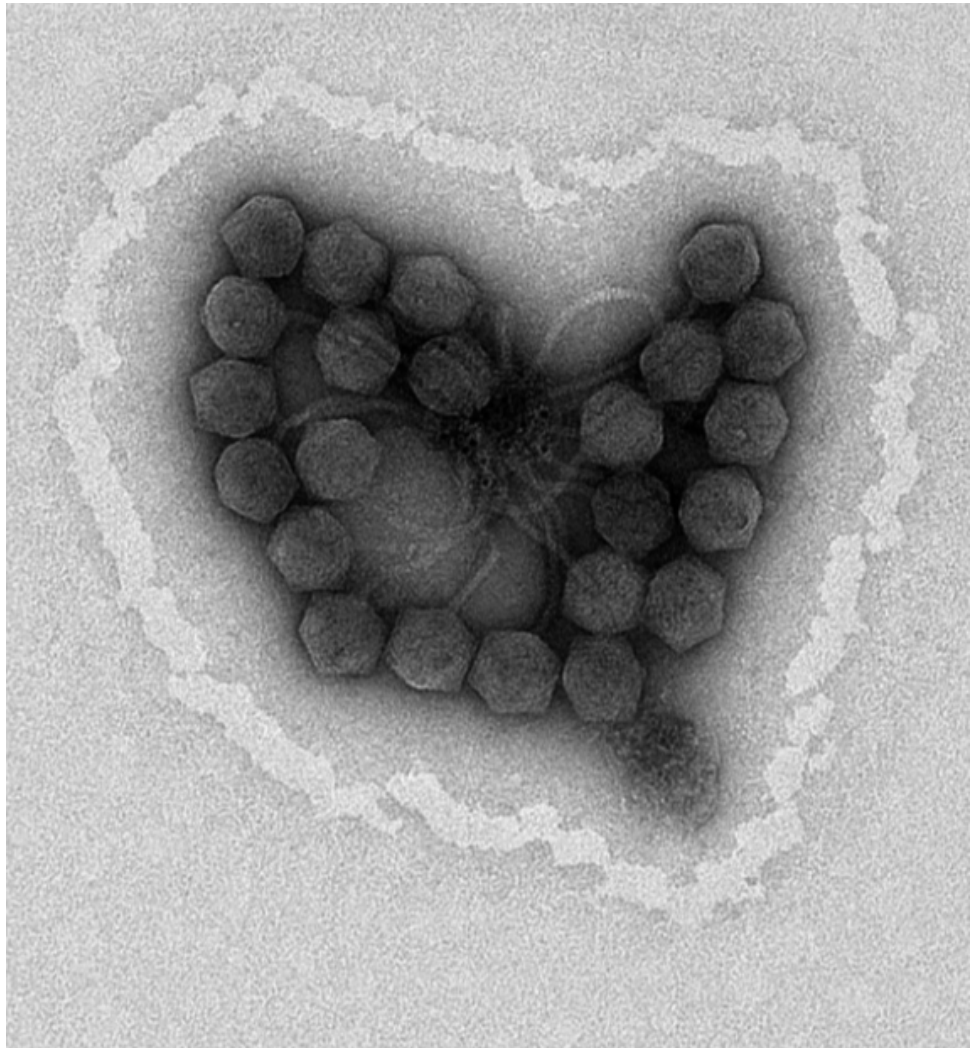
PUBLICATIONS.....p. 3-4

RENCONTRES SCIENTIFIQUES.....p. 5

PRIX & DISTINCTIONS.....p. 6

FÊTE DE LA SCIENCE.....p. 6

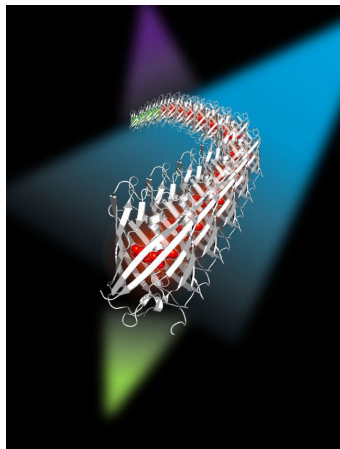
SOUTENANCES.....p. 6



Phages T5 en coloration négative © MPI Berlin / C. Breyton & D. Fenel

ZOOM SUR...

UNE STRATÉGIE POUR AMÉLIORER LA PHOTOSTABILITÉ DES PROTÉINES FLUORESCENTES EN MICROSCOPIE SUPER RÉOLUTION



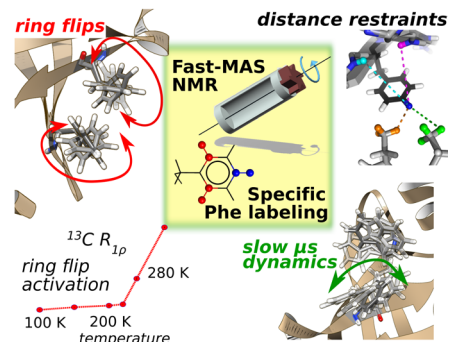
La microscopie super-résolution permet d'observer la matière vivante à l'échelle nanoscopique, non seulement d'un point de vue structural mais aussi d'un point de vue dynamique. Dans ce dernier cas, il s'agit le plus souvent de suivre des molécules cibles individuelles lorsqu'elles diffusent dans une cellule : c'est la technique « sptPALM » (single-particle-tracking localization microscopy). Cependant, un important obstacle à cette technique concerne l'imperfection des marqueurs fluorescents utilisés pour étiqueter les molécules cibles. Ces marqueurs sont le plus souvent des protéines fluorescentes photoconvertibles (PCFPs). Les PCFPs ont notamment une fâcheuse tendance à « clignoter », c'est-à-dire à s'éteindre de manière transitoire, ce qui fait rapidement perdre la trace des molécules individuelles. Dans ce travail, réalisé en collaboration avec des chercheurs de l'Université Catholique de Leuven en Belgique, nous avons étudié l'origine du phénomène de clignotement dans le cas de la protéine fluorescente photoconvertible « mEos4b ». Un état « noir » (non fluorescent) a été mis en évidence, et sa caractérisation détaillée a révélé une forte sensibilité à la lumière de couleur cyan. Ainsi une faible illumination de l'échantillon avec un laser à 488 nm dépeuple efficacement cet état noir, forçant un retour rapide vers l'état fluorescent et réduisant considérablement l'intensité du clignotement. En sptPALM, cette illumination additionnelle à 488 nm est très facile à réaliser, apportant une forte amélioration de la qualité des données avec un effort minimal. Dans ce travail, la compréhension mécanistique de l'origine du phénomène de clignotement de mEos4b

grâce à des techniques avancées de biologie structurale a permis d'apporter une solution simple à une problématique de microscopie en biologie cellulaire. Il s'agit donc d'un cas d'école démontrant tout le potentiel méthodologique d'une approche intégrative entre biologies structurale et cellulaire.

Mechanistic investigation of mEos4b reveals a strategy to reduce track interruptions in sptPALM. Elke De Zitter, Daniel Thédié, Viola Mönkemöller, Siewert Hugelier, Joël Beaudouin, Virgile Adam, Martin Byrdin, Luc Van Meervelt, Peter Dedecker, Dominique Bourgeois. *Nature Methods*;16(8):707-710

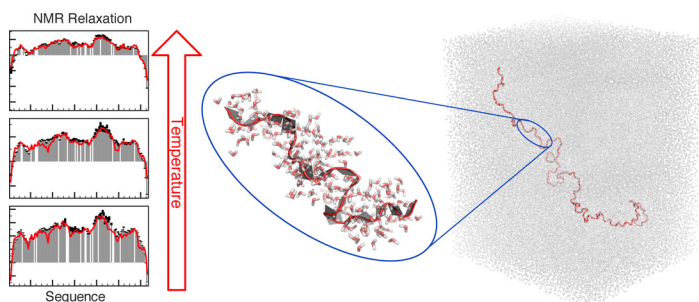
LA DYNAMIQUE DES RÉSIDUS AROMATIQUES D'UNE PROTÉINE DE 0.5 MDA VUE PAR RMN DU SOLIDE

Les résidus aromatiques jouent des rôles clés dans beaucoup de protéines, et sont impliqués notamment dans les interactions protéine-ligand et protéine-protéine. Présents également dans leur cœur hydrophobe, les résidus aromatiques sont cruciaux pour la stabilité des protéines. Pour ces raisons, l'étude de leur dynamique peut donner des informations riches sur les mécanismes réactionnels et le repliement. Bien que des approches de RMN du liquide se soient intéressées aux résidus aromatiques depuis des décennies, ces études ont été limitées à des petites protéines. Une nouvelle approche développée par le groupe de RMN de l'IBS, en collaboration avec des chimistes japonais et autrichiens, permet d'étudier en détail les mouvements des résidus aromatiques même dans de très grandes protéines. L'approche combine la RMN du solide et un marquage isotopique spécifique des phénylalanines ou tyrosines. L'étude de Gauto *et al* a appliqué cette méthode à la protéine TET2, une enzyme de 468 kDa, et a mis en évidence, entre autres, la cinétique de rotation des phénylalanines dans une large gamme de températures, jusqu'à -170 °C, et un état conformationnel 'excité' autour d'un pore localisé entre sous-unités. Cette méthodologie permet également d'obtenir des contraintes structurales impliquant les résidus aromatiques, qui peuvent être utilisées à déterminer des structures *de novo*.



Aromatic Ring Dynamics, Thermal Activation, and Transient Conformations of a 468 kDa Enzyme by Specific 1H - ^{13}C Labeling and Fast Magic-Angle Spinning NMR. Gauto DF, Macek P, Barducci A, Fraga H, Hessel A, Terauchi T, Gajan D, Miyanoiri Y, Boisbouvier J, Lichtenecker R, Kainosho M, Schanda P. *Journal of the American Chemical Society*;141(28):11183-11195

DYNAMIQUE SEGMENTAIRE DÉPENDANTE DES SOLVANTS DANS LES PROTÉINES INTRINSÈQUEMENT DÉSORDONNÉES

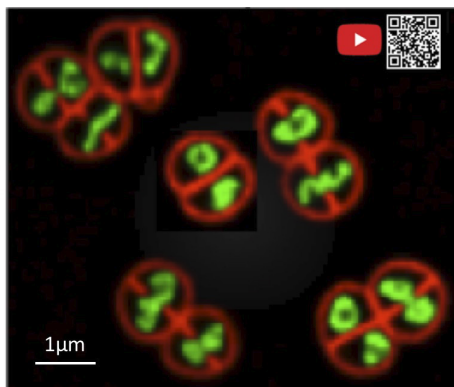


La dynamique des protéines intrinsèquement désordonnées (PIDs) contrôle leur fonction. Cette dynamique est très probablement influencée par l'interaction de la protéine avec son environnement, une relation synergique particulièrement pertinente pour les PIDs, qui présentent des surfaces accessibles au solvant plusieurs fois plus grandes que les protéines repliées de poids moléculaire similaire. Dans cette étude, les chercheurs du groupe FDP de l'IBS combinent des simulations de dynamique moléculaire et des études approfondies de relaxation en résonance magnétique nucléaire (RMN), les deux en fonction de la température, afin d'examiner l'importance des processus de dynamique distincts couplant le solvant à la protéine.

Cette comparaison poussée entre expérience et simulation révèle que la dynamique de l'eau joue un rôle clé dans les processus internes aux « segments » de séquence primaire – des régions de la chaîne peptidique qui partagent les mêmes propriétés dynamiques et qui se réorientent comme des unités dynamiques discrètes. Ces résultats permettent non seulement d'identifier le meilleur paramétrage des champs de force qui reproduisent les propriétés dynamique des PIDs, un but important en soi, mais aussi de comprendre les interactions entre la protéine et son environnement à une résolution atomique. Cette étude ouvre également des perspectives importantes pour comprendre le rôle de l'eau d'hydratation sur le comportement et la fonction des PIDs dans la cellule.

Solvent-dependent segmental dynamics in intrinsically disordered proteins. Salvi N, Ayzov A, Blackledge M. *Science Advances*;5(6):eaax2348.

MORPHOLOGIE CELLULAIRE ET DYNAMIQUE DES NUCLÉOÏDES CHEZ *D. RADIODURANS*



Que ce soit dans les noyaux des cellules eucaryotes ou dans les nucléoïdes des bactéries, l'ADN génomique doit être compacté tout en restant accessible pour les processus essentiels tels que la réplication, la réparation et la transcription de l'ADN. Nos connaissances actuelles sur l'organisation des nucléoïdes bactériens sont limitées et proviennent essentiellement d'études sur des bactéries modèles en forme de bâtonnet. Dans cette étude, des chercheurs des groupes VIC et DYNAMOP, en collaboration avec l'I2BC d'Orsay, ont pour la première fois exploré la structure et la dynamique du nucléoïde d'un coque, la bactérie, *Deinococcus radiodurans*, bien connue pour son exceptionnelle radiorésistance. En combinant des approches de microscopie de fluorescence conventionnelles et de super-résolution sur des bactéries vivantes, ils ont révélé que le nucléoïde est très compact, mais également étonnamment dynamique, adoptant six configurations distinctes au cours de son cycle cellulaire. Ces travaux ont mis en évidence que les nucléoïdes bactériens sont des entités hautement structurées et étroitement régulées par les changements de morphologie de la cellule au cours du cycle cellulaire. Un acteur majeur dans l'organisation des nucléoïdes

bactériens est la protéine HU (analogue des histones). Contrairement aux histones, les HU interagissent de façon transitoire avec l'ADN ce qui pourrait contribuer à la remarquable plasticité du nucléoïde de *D. radiodurans*.

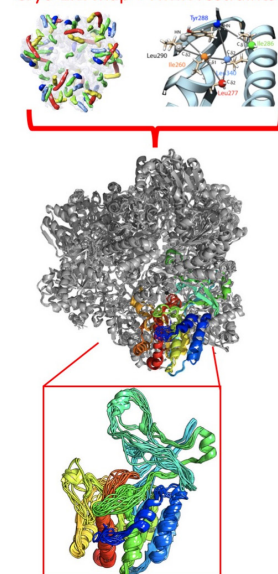
Cell morphology and nucleoid dynamics in dividing *D. radiodurans*. Floc'h K, Lacroix F, Kleman JP, Servant P, Wong YS, Bourgeois D and Timmins J. *Nature Communications*; 10(1):3815

DÉTERMINATION DE LA STRUCTURE À RÉOLUTION ATOMIQUE D'UN COMPLEXE ENZYMATIQUE EN COMBINANT RMN ET CRYO-ME

Compte-tenu de leur complexité, la détermination de la structure des machineries biologiques de haut poids moléculaire reste souvent un défi pour chacune des méthodes expérimentales à la disposition des structuralistes. Les chercheurs des groupes MEM, NMR et DYNAMOP de l'IBS, en collaboration avec l'université de Francfort et du NIH, ont mis en place une approche intégrée permettant la détermination de la structure d'assemblages de protéines de haut poids moléculaire. Le protocole de calcul mis en place utilise simultanément les données structurales obtenues par RMN liquide et solide et par cryo-ME afin de surpasser les limites intrinsèques à chaque méthode structurale. Cette nouvelle approche intégrée a été appliquée pour déterminer la structure de l'aminopeptidase dodécamérique TET2 de 468kDa avec une précision supérieure à 1 Å, dépassant ainsi les normes actuelles de détermination de la structure des protéines par RMN et cryo-ME en termes de poids moléculaire et de précision. De plus cette nouvelle approche reste applicable dans les cas où seulement des données cryo-ME à résolution intermédiaire sont disponibles et ouvre ainsi de nouvelles perspectives pour résoudre la structure de systèmes biologiques complexes.

Integrated NMR and cryo-EM atomic-resolution structure determination of a half-megadalton enzyme complex. Gault DF, Estrozi LF, Schwieters CD, Effantin G, Macek P, Sounier R, Sivertsen AC, Schmidt E, Kerfah R, Mas G, Colletier JP, Güntert P, Favier A, Schoehn G, Schanda P, Boisbouvier J. *Nature Communications*; 10(1):2697

Cryo-EM map + NMR restraints



PUBLICATIONS

Les dernières publications en date sont les suivantes :

◇ Publications

Activation of the ILT7 receptor and plasmacytoid dendritic cell responses are governed by structurally-distinct BST2 determinants. Bego MG, Miguet N, Laliberté A, Aschman N, Gerard F, Merakos AA, Weissenhorn W, Cohen ÉA. *Journal of Biological Chemistry*; 294(27):10503-10518

Chronic administration of minoxidil protects elastic fibers and stimulates their neosynthesis with improvement of the aorta mechanics in mice. Fhayli W, Boyer M, Ghandour Z, Jacob MP, Andrieu JP, Starcher BC, Estève E, Faury G. *Cellular Signalling*; 62:10933

Complex Formation between Mur Enzymes from *Streptococcus pneumoniae*. Miyachiro MM, Granato D, Trindade DM, Ebel C, Paes Leme AF, Dessen A. *Biochemistry*; 58(30):3314-3324

Conserved pseudoknots in lncRNA MEG3 are essential for stimulation of the p53 pathway. Uroda T, Anastasakou E, Rossi A, Teulon J-M, Pellequer J-L, Annibale P, Pessey O, Inga A, Chillon I, Marcia M. *Molecular Cell*; 75 : 1-14.

Dynamic and sequential protein reconstitution on negatively curved membranes by giant vesicle fusion. De Franceschi N, Alqabandi M, Weissenhorn W, Bassereau P. *Bio-protocol* 9(13): e3294.

Dynamics of a family of cyan fluorescent proteins probed by incoherent neutron scattering. Golub M, Guillon V, Gotthard G, Zeller D, Martinez N, Seydel T, Koza MM, Lafaye C, Clavel D, von Stetten D, Royant A, Peters J. *Journal of the Royal Society Interface*; 16(152):20180848

Editorial: The Role of Complement in Health and Disease. Cedzyński M, Thielens NM, Mollnes TE, Vorup-Jensen T. *Frontiers in Immunology*; 10:1869.

Histone chaperone exploits intrinsic disorder to switch acetylation specificity. Danilenko N, Lercher L, Kirkpatrick J, Gabel F, Codutti L, Carlomagno T. *Nature Communications*; 10(1):3435

How [Fe]-hydrogenase metabolizes dihydrogen. Nicolet Y. *Nature Catalysis*; volume 2, pages481–482

Influence of the core/shell structure of Indium Phosphide based quantum dots on their photostability and cytotoxicity. Wegner KD, Dussert F, Truffier-Boutry D, Benayad A, Beal D, Mattered L, Ling WL, Carrière M, Reiss P. *Frontiers in Chemistry*; 27;7:466

Interplay of Protein Disorder in Retinoic Acid Receptor Heterodimer and Its Corepressor Regulates Gene Expression. Cordeiro TN, Sibille N, Germain P, Barthe P, Boulahtouf A, Allemand F, Bailly R, Vivat V, Ebel C, Barducci A, Bourguet W, le Maire A, Bernadó P. *Structure*; 27(8):1270-1285. e6

Loss of endothelial sulfatase-1 after experimental sepsis attenuates subsequent pulmonary inflammatory responses. Oshima K, Han X, Ouyang Y, El Masri R, Yang Y, Haeger SM, McMurtry SA, Lane TC, Davizon-Castillo P, Zhang F, Yue X, Vivès RR, Linhardt RJ, Schmidt EP. *American Journal of Physiology-Lung Cellular and Molecular Physiology*; doi: 10.1152/ajplung.00175.2019.

Mechanism of the allosteric activation of the ClpP protease machinery by substrates and active-site inhibitors. Felix J, Weinhäupl K, Chipot C, Dehez F, Hessel A, Gauto DF, Morlot C, Abian O, Gutsche I, Velazquez-Campoy A, Schanda P, Fraga H. *Science Advances*; 5(9):eaaw3818

Origin of a Core Bacterial Gene via Co-option and Detoxification of a Phage Lysin. Randich AM, Kysela DT, Morlot C, Brun YV. *Current Biology*; 29(10):1634-1646.e6.

Phosphomimetic mutations modulate the ability of HIV-1 Rev to bind human Importin β *in vitro*. Ben Fadhel N, Signor L, Petosa C, Noirclerc-Savoie M. *Matters*; DOI 10.19185/matters.201903000032.

Protein crystal structure determination with the crystallophore, a nucleating and phasing agent. Engilberge S, Wagner T, Santoni G, Breyton C, Shima S, Franzetti B, Riobé F, Maury O, Girard E. *Journal of Applied Crystallography*; 52(Pt 4):722-731

Proteomic analysis of neutrophils in vasculitis associated with anti-proteinase 3 ANCA reveals a dysregulation in cytosolic and membrane proteins associated with proteinase 3 and involved in apop-totic cell clearance: key role of annexin-A1. Everts-Graber J, Martin KR, Thieblemont N, Mocek J, Roccabianca A, Chafey, Le Gal M, Tac-net-Delorme P, Reutelingsperger C, Naccache J-M, Bonnotte B, Karras A, Puéchal X, Guillevin L, Terrier B, Frachet P, Perretti M, Mouthon L, Witko-Sarsat V. *Kidney International*; 96(2):397-408

Relaxing with liquids and solids - A perspective on biomolecular dynamics. Schanda P. *Journal of Magnetic Resonance*; pii: S1090-7807(19)30151-X

Role of hydration water in the onset of protein structural dynamics. Schirò G, Weik M. *Journal of Physics: Condensed Matter*; 31(46):463002

Specific radiation damage is a lesser concern at room temperature. Gotthard G, Aumonier S, De Sanctis D, Leonard G, von Stetten D, Royant A. *IUCrJ*; 6(Pt 4):665-680

Structure-based Design of JOC-x, a Conjugatable Tumor Tight Junction Opener to Enhance Cancer Therapy. Pitner R, Kim J, Davis-Bergthold J, Turner C, Vassal-Stermann E, Wang H, Adams J, Carter L, Ahlgren JA, Fender P, Lieber A, Carter D, Gray SA. *Scientific Reports*; 9(1): 6169.

Structure Solution of the Fluorescent Protein Cerulean Using MeshAndCollect. Hutin S, Santoni G, Zander U, Foos N, Aumonier S, Gotthard G, Royant A, Mueller-Dieckmann C, Leonard G. *Journal of Visualized Experiments*; 145:e58594

Super potent bispecific llama VHH antibodies neutralize HIV via a combination of gp41 and gp120 epitopes. Strokappe NM, Hock M, Rutten L, McCoy LE, Back JW, Caillat C, Haffke M, Weiss RA, Chen L, Jin V, Yang Y, Kwong PD, Weissenhorn W, Verrips T. *Antibodies*, 8, 38

The archaeal LDH-like malate dehydrogenase from *Ignicoccus islandicus* displays dual substrate recognition, hidden allostery and a non-canonical tetrameric oligomeric organization. Roche J, Girard E, Mas C, Madern D. *Journal of Structural Biology*; pii: S1047-8477(19)30153-4.

Tailing miniSOG: structural bases of the complex photophysics of a flavin-binding singlet oxygen photosensitizing protein. Torra J, Lafaye C, Signor L, Aumonier S, Flors C, Shu X, Nonell S, Gotthard G, Royant A. *Scientific Reports*; 9(1):2428

Three-dimensional view of ultrafast dynamics in photoexcited bacteriorhodopsin. Nass Kovacs G, Colletier JP, Grünbein ML, Yang Y, Stensitzki T, Batyuk A, Carbajo S, Doak RB, Ehrenberg D, Foucar L, Gasper R, Gorel A, Hilpert M, Kloos M, Koglin JE, Reinstein J, Roome CM, Schlesinger R, Seaberg M, Shoeman RL, Stricker M, Boutet S, Haacke S, Heberle J, Heyne K, Domratcheva T, Barends TRM, Schlichting I. *Nature Communications*; 10(1):3177

Tumor suppression of novel anti-PD-1 antibodies mediated through CD28 costimulatory pathway. Fenwick C, Loredovarela JL, Joo V, Pellaton C, Farina A, Rajah N, Esteves-Leuenberger L, Decaillon T, Suffiotti M, Noto A, Ohmiti K, Gottardo R, Weissenhorn W, Pantaleo G. *Journal of Experimental Medicine*; 216(7):1525-1541

◇ Livres ou chapitres de livre

Nicola Salvi. **Intrinsically Disordered Proteins: Dynamics, Binding, and Function**, 1st edition. Academic press

RENCONTRES SCIENTIFIQUES

ESONN 2019 - DU 25 AOÛT AU 14 SEPTEMBRE 2019 - GRENOBLE

D'une durée de 3 semaines, cette école européenne de nanosciences et de nanotechnologies, organisée par l'UGA et Grenoble INP en partenariat avec le CNRS et le CEA, permet chaque année à de jeunes scientifiques du monde entier de se former aux nanosciences et nanotechnologies appliquées à la physique, la chimie et la biologie. Plusieurs laboratoires de l'IBS sont régulièrement impliqués dans l'organisation de TP pour la session biologie. Pour l'édition 2019 :

- «Proteins and nanoparticle assemblies and interactions by AUC and SEC/MALS» par Christine Ebel and Aline Le Roy (IBS/M&P)
- «Cell imaging analysis of protein interactions and dynamics in living cells» par Françoise Lacroix, Joanna Timmins & Jean-Philippe Kleman (IBS/IRPAS)
- «Study of biomolecular interactions by surface plasmon resonance biosensor analysis (BIAcore technology)» par Jean-Baptiste Reiser (IBS/IRPAS)
- «Cryo-Electron Microscopy : sample preparation and visualization using a Polara and a Krios electron microscope both equipped with a direct electron detector» by Guy Schoehn and Isai Kandiah (IBS/MEM and ESRF)

Plus d'information sur <https://www.esonn.fr/>

CONFÉRENCE ALPINE SUR LA RMN DU SOLIDE - 15-19 SEPTEMBRE 2019 – CHAMONIX

La Conférence alpine est un forum international de haut niveau permettant de discuter des développements récents et des applications dans le domaine de la résonance magnétique du solide. Cette conférence se concentre sur les nouveaux concepts, méthodes et instruments, ainsi que sur les applications dans des domaines tels que la physique, la chimie, la biologie et la science des matériaux. Pour l'édition 2019, la Conférence alpine accueille les contributions de l'EPR et de l'IRM dans le domaine des solides, en plus de l'accent mis depuis l'origine sur la RMN à l'état solide, qui reste au cœur de ses préoccupations. Paul Schanda (IBS/NMR) fait partie du comité organisateur de cette conférence biennale. Pour en savoir plus : <https://alpine-conference.org>

ANF SUR LA PRÉPARATION DE CRISTAUX BIOLOGIQUES POUR LES ÉTUDES STRUCTURALES PAR LES TECHNIQUES DE DIFFRACTION AVANCÉES - DU 23 AU 25 SEPTEMBRE 2019 - IBS

Le réseau CNRS CRISTECH organise du 23 au 25 septembre 2019 à Grenoble une Action Nationale de Formation (ANF) portant sur la préparation de cristaux biologiques pour les études structurales par les techniques de diffraction avancées. Cette formation vise à présenter les aspects théoriques et expérimentaux des différentes techniques de cristallogénèse (conventionnelles et non-conventionnelles) des macromolécules biologiques en solution pour répondre aux exigences des méthodes émergentes en biologie structurale. Cette formation, donnée en français, est gratuite pour les agents CNRS (permanents comme non-permanents) et est également ouverte au personnels non CNRS (frais d'hébergement et de transport à leur charge). Pour plus de renseignements, contactez Monika Spano ou Marta Elzo (IBS/groupe Synchrotron de l'IBS).

ITN MEETING TRAIN2TARGET - DU 16 AU 18 OCTOBRE 2019 - IBS

La 3eme réunion annuelle du réseau européen *Train2Target* est organisée par J.P Simorre Cedric, Laguri et Tiago Baeta

(IBS/NMR) du 16 au 18 octobre prochain. Ce réseau vise à fournir des pistes pour une nouvelle génération d'antibactériens innovants pour traiter les infections par des agents pathogènes multirésistants. Ces rencontres permettent non seulement aux personnes impliquées dans *Train2Target* de se rencontrer en personne, mais aussi d'échanger leurs expériences et de discuter des tâches réalisées et des objectifs futurs.

2EME ATELIER SUR LES TECHNIQUES AVANCÉES DE DIFFRACTION POUR LA BIOLOGIE - 19 AU 22 NOVEMBRE 2019 - CAMPUS EPN

Ce cours, co-organisé par IBS, porte sur les rayons X, les neutrons et la diffraction des électrons par des cristaux de macromolécules biologiques. Diverses techniques seront étudiées dans le but de résoudre des structures *de novo*, de rechercher des ligands, d'élucider les mécanismes de réaction. Ce cours d'une semaine combine des cours théoriques et pratiques sur les grands équipements du campus EPN. Il est dédié aux chercheurs (doctorants, post-doctorants, scientifiques) intéressés par les études structurales macromoléculaires à résolution atomique utilisant des approches cristallographiques. Pour postuler, veuillez envoyer un court CV (1 page maximum) et une lettre de motivation à [marta.elzo-aizarna\(at\)ibs.fr](mailto:marta.elzo-aizarna(at)ibs.fr) avant le 30 septembre 2019.

L'inscription est gratuite et comprend l'hébergement et les repas sur le campus de l'EPN. Les candidats sélectionnés seront avisés par courriel le 15 octobre 2019. Les participants devront payer leurs frais de déplacement. Plus de détails sur l'atelier peuvent être trouvés sur <http://workshops.ibs.fr/adtb-2019>.

SÉRIE DE CONFÉRENCES « RECENT ADVANCES AND APPLICATIONS IN STRUCTURAL BIOLOGY »

Dans le cadre des cours de Master 2 ISB (Biologie Structurale intégrée), des conférences ont lieu jusqu'à Noël, chaque jeudi à 14h (hors vacances scolaires) dans la salle de séminaires du CIBB. Elles sont données en anglais et ouvertes à tous. Au programme :

- 12 septembre : Synchrotron Radiation and Structural Biology - par Gordon Leonard (ESRF)
- 19 septembre : Studying a large molecular machine by a "multi structural" approach - par Cécile Breyton (IBS)
- 26 septembre : NMR of highly dynamic and intrinsically disordered proteins: Beyond classical structural biology - par Martin Blackledge (IBS)
- 03 octobre : Super resolution microscopy - par Dominique Bourgeois (IBS)
- 10 octobre : Directed cytoskeleton self-organization - par Laëtitia Kurzawa (IRIG)
- 17 octobre : Neutrons for the study of biological systems - par Trevor Forsyth (ILL)
- 24 octobre : Structural plasticity of chromatin - par Carlo Petosa (IBS)
- 07 novembre : Subcellular imaging - par Giovanni Finazzi (PCV)
- 14 novembre : HIV-1 getting in and out: Molecular machines catalyzing membrane fusion and membrane fission - par Winfried Weissenhorn (IBS)
- 21 novembre : How influenza polymerase synthesizes viral mRNA - Stephen Cusack (EMBL)
- 28 novembre : The resolution revolution in EM - par Guy Schoehn (IBS)
- 05 décembre : Directed evolution by phage display and its applications - par Darren Hart (IBS/ISBG)

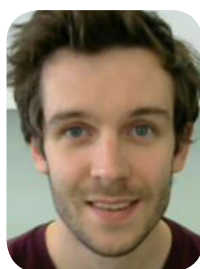
PRIX ET DISTINCTIONS



Adrien Favier (IBS/NMR) et les 6 autres responsables opérationnels des sites qui constituent l'Infrastructure de Recherche Résonance Magnétique Nucléaire Très Hauts Champs (IR-RMN-THC), ainsi que son responsable administratif et financier, sont récipiendaires du Cristal collectif CNRS 2019. L'IR-RMN-THC est une structure regroupant en un seul point d'entrée 7 centres de recherche reconnus en RMN (dont l'IBS) et dotés de spectromètres à très haut champ magnétique (11 instruments, de 750 à 1000 MHz fréquence proton). Cette entité, unique en Europe, fournit depuis plus de 10 ans à la communauté scientifique française et européenne un accès à ses instruments ainsi qu'une expertise et un support technique et scientifique de haut niveau.



Serafima Guseva (FDP/VRM) s'est vue décernée le prix JMR-ENC (Journal of Magnetic Resonance-International Society of Magnetic Resonance Young Scientist Award) pour sa présentation intitulée « Multivalency and phase separation of measles virus replication machinery » lors de la conférence ISMAR/EUROMAR qui a eu lieu à Berlin du 25 au 30 août avec plus de 1000 participants.



Simon Harris (IBS/MEMBRANE), doctorant de l'équipe Moreau, a obtenu un prix de présentation de poster au cours du Congrès Asiatique des Biotechnologies (ACB2019- <http://www.acb2019.tw/>) qui s'est tenu à Taipei (Taiwan) du 1er au 4 juillet 2019. La thématique du poster portait sur la technologie Ion Channel-Coupled Receptor (ICCR) et son application dans le cadre du projet ERC NANOZ-ONIC. Le congrès a

réuni plus de 800 participants avec des symposia co-organisés par la Fédération Asiatique des Biotechnologies (AFOB) et la Fédération Européenne des Biotechnologies (EFB).



Sigrid Milles (IBS/FDP) recevra le Prix Paoletti 2019 le 30 octobre pour son travail sur les protéines intrinsèquement désordonnées par fluorescence à molécules unique et résonance magnétique nucléaire (RMN). Ce prix, crée en mémoire de Claude Paoletti, ancien directeur scientifique du département des sciences de la vie du CNRS, récompense un jeune chercheur en biologie, toutes disciplines confondues.

Katharina Weinhäupl, qui a préparé sa thèse sous la direction de P. Schanda (IBS/groupe NMR) d'octobre 2017 à janvier 2018, a obtenu le prix Nine Choucroun-Fondation Edmond de Rothschild 2019. Ce prix, décerné tous les deux ans sous les auspices de l'Institut de Biologie Physico-Chimique, est destiné à encourager de jeunes chercheurs travaillant dans le domaine de la Biologie Physico-Chimique et ayant obtenu leur doctorat dans un laboratoire français au cours des deux années précédentes. Katharina est distinguée pour ses travaux de thèse portant sur les mécanismes du transport des protéines membranaires dans les mitochondries.

FETE DE LA SCIENCE

La Fête de la science approche, avec une édition 2019 un peu particulière puisque le campus EPN accueillera le lancement départemental de cette manifestation scientifique et festive. Le 03 octobre, les instituts du site EPN, dont l'IBS, assureront des visites pour les élus et les porteurs de projet. Par ailleurs, nous continuons à privilégier les actions en direction des plus jeunes en proposant des actions ludiques et pédagogiques, mais également vers les citoyens avec des événements grand public. Au programme de l'IBS du 07 au 12 octobre :

- une conférence/débat intitulée « Les bactéries résistantes aux antibiotiques seront-elles vaincues par les bactériophages ? » sera donnée le 07 octobre à 18h30 à la Maison du Tourisme par le Docteur Raphaëlle Delattre, Anesthésiste-Réanimateur de l'Assistance Publique des Hôpitaux de Paris. Cette conférence, à destination du Grand Public, est organisée par le Réseau Bactériophage France à l'occasion des « Journées Phages in Grenoble » qui auront lieu à l'IBS les 08 et 09 octobre 2019.

- « Le Vivant à la loupe » : des ateliers pour quatre classes de CM2 les 07 et 08 octobre (à raison d'une classe par demi-journée, au bâtiment Jean Roget à la Tronche),



- « Plongée dans l'infiniment petit au coeur du vivant » : des ateliers pour quatre classes de lycée les 10 et 11 octobre (à raison d'une classe par demi-journée, à l'IBS),

- « Parvis des Sciences » samedi 12 octobre : le stand EPN fera découvrir le tableau périodique des éléments et proposera un escape game pour mieux comprendre son organisation et la place qu'il occupe dans la vie des chercheurs.



© IBS/O. Cavoret & ESRF/C. Argoud

SOUTENANCES DE THESE

- **Vendredi 20 septembre à 14h, soutenance de thèse de Rana El Masri (IBS/Groupe SAGAG)**, intitulée « Functional and structural characterization of human endosulfatase HSulf-2 ».
- **Mercredi 16 octobre à 09h30, soutenance de thèse de Julie Lopes (IBS/Groupe DYNAMOP)**, intitulée « Développement de nouvelles stratégies de lutte contre les biofilms de *Providencia stuartii*, un pathogène humain multirésistant ». Exceptionnellement cette soutenance aura lieu à l'amphithéâtre Chadwick de l'ILL.