

## SOMMAIRE

EDITO.....p. 2

### ZOOMS SCIENTIFIQUES.

• Structure d'une enzyme clé de la réplication d'un virus pathogène humain visualisée en action par cryo-ME.....p. 2

• Regard moléculaire sur la transmission de la grippe aviaire à l'Homme.....p. 2

• Les protéines fluorescentes dansent dans le noir.....p. 3

• Mécanisme moléculaire du radical SAM de la protéine NifB, une enzyme clé de cofacteur de maturation de la nitrogénase.....p. 3

PUBLICATIONS.....p. 3-4

PREMIERS RESULTATS DE LA MOBILISATION DE L'IBS DANS LA LUTTE CONTRE LE CORONAVIRUS SARS-COV-2 ..... p. 4

RENCONTRES SCIENTIFIQUES.....p. 5

SEMINAIRES & SOUTENANCES.....p. 5

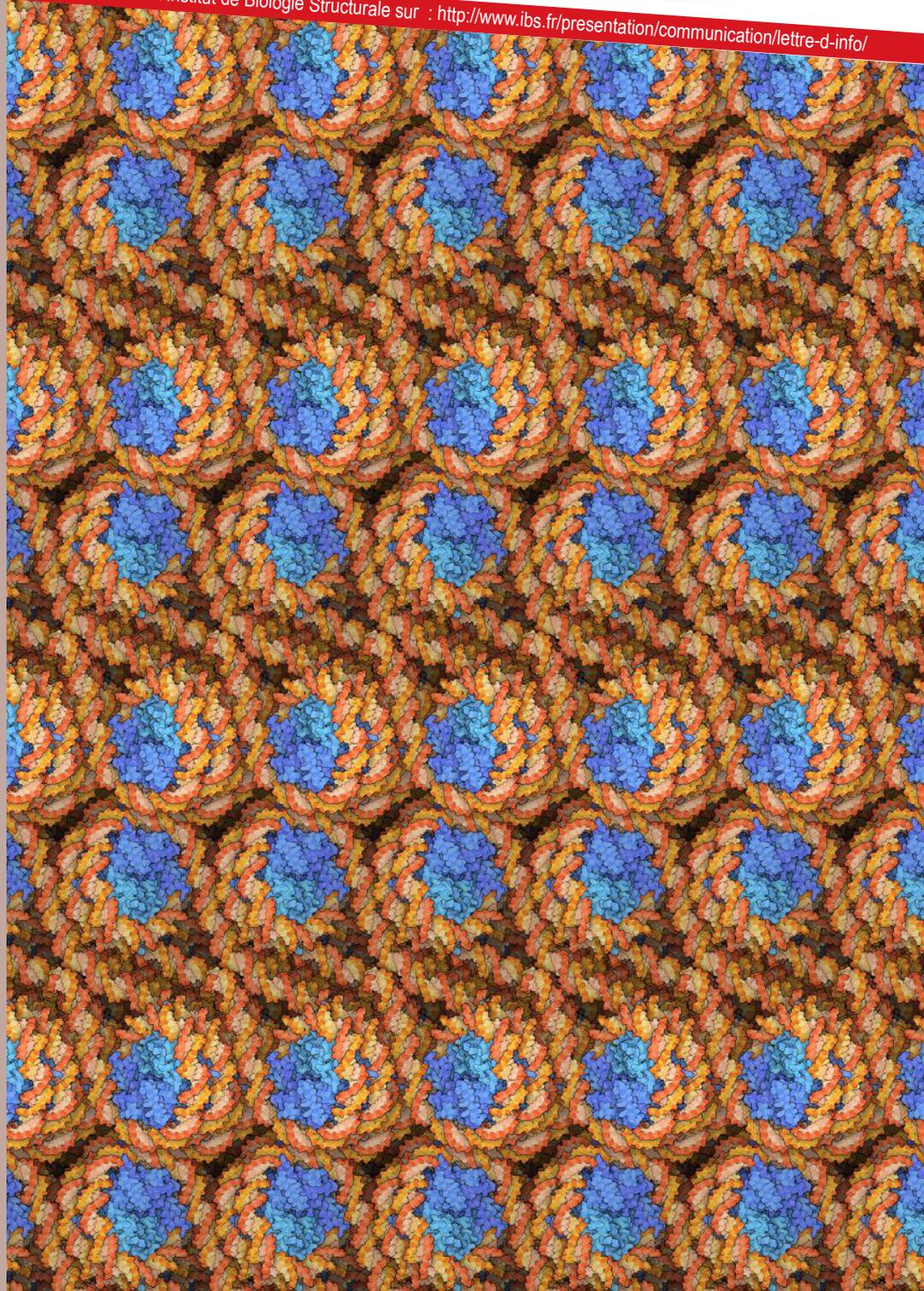
FÊTE DE LA SCIENCE.....p. 5

DISTINCTIONS.....p. 5

NOUVEAUX EQUIPEMENTS.....p. 6

VIDEO INSTITUTIONNELLE IBS.....p. 6

NOS CHERCHEURS DANS LES MEDIAS.....  
.....p. 6



David S. Goodsell, artiste-scientifique bien connu pour réaliser des représentations biologiques spectaculaires, a choisi la structure de 6-nucléosomes en complexe avec la protéine de liaison H1 résolue par I. Garcia-Saez (IBS/VIC) pour figurer dans son projet Art-Science "Crystallographs"

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 :**

W. Weissenhorn

**Comité de rédaction :**

G. Audic, C. Breyton, O. Cavoret, S. Elsen, S. Milles, E. Neumann, P. Vaclare

**Correspondants**

P. Amara, M. Blackledge, D. Bourgeois, A. Dessen, J.L. Ferrer, F. Fieschi, B. Franzetti, M. Jamin, H. Lortat-Jacob, C. Morlot, E. Neumann, H. Nury, C. Petosa, P. Pognard, J.P. Simorre, N. Thielens, M. Vivaudou

**pour la rédaction des rubriques :**

**Contributeurs aux zooms :**

B. Arragain, M. Blackledge, D. Bourgeois, H. Malet, Y. Nicolet

## EDITO

L'IBS a été évalué par l'HCERES en janvier 2020, qui a estimé que notre institut mène des recherches exceptionnelles en biologie structurale intégrée, par le développement de méthodes innovantes et leurs applications pour relever de nouveaux défis posés par des questions biologiques ambitieuses. Outre la qualité de la recherche attestée par le grand nombre de publications, dont beaucoup dans des revues de haut niveau, le comité d'experts a souligné des partenariats bien établis et fructueux au sein d'un environnement scientifique unique. Les succès en matière de financements nationaux et internationaux, avec un taux deux fois supérieur au taux national moyen, est également reconnu, ainsi que nos plateformes dont le rôle dans la diffusion de méthodes innovantes en biologie structurale a été salué. Cela confère à l'IBS une grande visibilité internationale et une attractivité importante auprès des étudiants, jeunes chercheurs et visiteurs scientifiques.

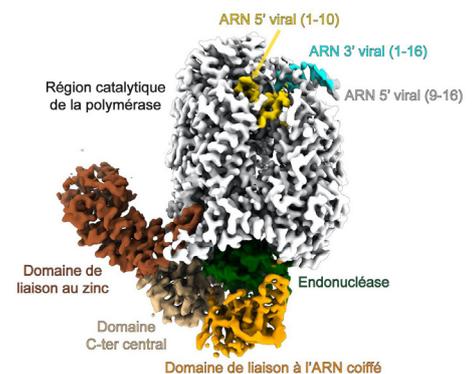
La direction de l'IBS félicite tout le personnel impliqué dans la recherche, mais également dans le soutien à la recherche, pour cette évaluation extrêmement positive. Bien que de nouveaux défis nous attendent (tel qu'assurer le financement de la mise à jour et/ou du remplacement d'équipements largement utilisés), nous sommes bien équipés pour y faire face et en tirer le meilleur parti. Je suis également convaincu que vous êtes tous très motivés pour assurer la réussite de l'IBS au cours du prochain quinquennal.

Winfried Weissenhorn

## ZOOM SUR...

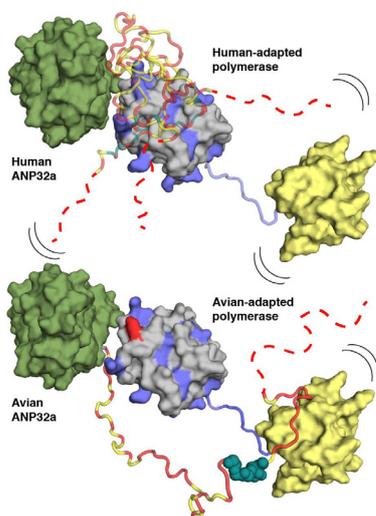
### STRUCTURE D'UNE ENZYME CLÉ DE LA RÉPLICATION D'UN VIRUS PATHOGENE HUMAIN VISUALISÉE EN ACTION PAR CRYO-ME

Les *Bunyvirales* sont un ordre de virus à ARN simple brin de polarité négative segmenté comprenant plusieurs agents pathogènes humains potentiellement mortels contre lesquels il n'existe actuellement aucun traitement (virus La Crosse, virus Hantaan, virus Crimée Congo, virus Lassa). La réplication et la transcription de leur génome constituent des réactions essentielles au cycle viral et sont catalysées par une enzyme virale clé : l'ARN-polymérase ARN-dépendante. Le groupe MEM de l'IBS, en collaboration avec le groupe du Dr. Cusack de l'EMBL Grenoble, décrit ici la structure de l'ARN-polymérase complète du virus La Crosse obtenue par cryo-microscopie électronique à 3 Å de résolution, grâce à des données collectées sur les cryo-microscopes Glacios de l'IBS et Krios de l'ESRF. Cette structure révèle la position et l'organisation de la partie C-terminale de l'ARN-polymérase qui comprend notamment le domaine de liaison de l'ARN coiffé nécessaire à l'initiation de la transcription. Deux états ont pu être visualisés, la pré-initiation et l'élongation. Cela a notamment permis de mettre en évidence des changements de conformation nécessaires à la formation d'un ARN double-brin comprenant 10 paires de bases dans la cavité du site actif lors de l'élongation. Les détails structuraux et la dynamique des éléments fonctionnels identifiés sont importants pour comprendre le fonctionnement de cette enzyme et pourront être déterminants pour le développement futur d'inhibiteurs ciblant l'ARN-polymérase.



Pre-initiation and elongation structures of full-length La Crosse virus polymerase reveal functionally important conformational change. Benoît Arragain, Grégory Effantin, Piotr Gerlach, Juan Reguera, Guy Schoehn, Stephen Cusack, Héléne Malet. *Nature Communications* 2020;11(1):3590. doi: 10.1038/s41467-020-17349-4

### REGARD MOLÉCULAIRE SUR LA TRANSMISSION DE LA GRIPPE AVIAIRE À L'HOMME



La polymérase de la grippe est responsable de la réplication virale et contient un certain nombre d'acides aminés dont la mutation est associée à l'adaptation de la grippe aviaire à l'Homme, entraînant un risque constant de pandémie mondiale. Le virus de la grippe aviaire agit via l'interaction de sa polymérase avec un facteur de transcription clé de l'hôte : ANP32A. Cette protéine possède un domaine intrinsèquement désordonné qui est plus long de 33 acides aminés chez les oiseaux que chez l'Homme. Une mutation particulière (627) de la polymérase de la grippe aviaire lui permet de fonctionner chez l'homme, la protéine ANP32A étant différente chez les deux hôtes. Toutefois les détails moléculaires de cette adaptation restaient inconnus.

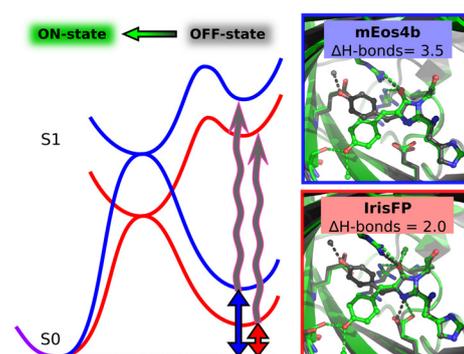
Par la RMN, les chercheurs du groupe FDP de l'IBS, en collaboration avec l'EMBL, sont parvenus à décrypter ces mécanismes : chez l'oiseau un domaine de la polymérase très flexible, interagit avec une séquence particulière de ANP32A lors de l'infection. Cette séquence n'existe pas dans la forme humaine de ANP32A, il faut alors que la polymérase change pour pouvoir interagir avec ANP32A. Pour infecter les cellules humaines, la mutation 627 de polymérase forme une surface chargée positivement, et le domaine désordonné - chargé négativement - de l'ANP32A établit un continuum d'interactions faibles et rapidement interchangeables qui stabilise le complexe autrement. Le virus acquiert alors la possibilité d'infecter un nouvel hôte : l'Homme, pouvant ainsi se transmettre d'une espèce à une autre. Cette étude fournit un cadre moléculaire pour comprendre cette interaction essentielle dans l'infection entre espèces, et pourrait contribuer à identifier de nouvelles pistes pour l'inhibition de la grippe.

Molecular basis of host-adaptation interactions between influenza virus polymerase PB2 subunit and ANP32A. Zarco AC, Kalayli S, Maurin D, Salvi N, Delaforge E, Milles S, Jensen MR, Hart DJ, Cusack S, Blackledge M. *Nature Communications* 2020;11(1):3656. doi: 10.1038/s41467-020-17407-x

## LES PROTÉINES FLUORESCENTES DANSENT DANS LE NOIR

La possibilité de convertir des protéines fluorescentes photoconvertibles (PCFPs) d'un état vert à un état rouge est largement utilisée en microscopie de localisation de molécules uniques. Cependant, l'imagerie de molécules uniques est fortement perturbée par le «clignotement» (c'est-à-dire la perte transitoire de fluorescence), qui résulte du passage de PCFPs individuelles vers des «états noirs». Le clignotement a généralement été décrit à partir de l'état rouge, mais, dans cet article, les chercheurs se sont intéressés aux clignotements à partir de l'état vert.

Dans le cadre d'une collaboration entre le groupe DYNAMOP de l'IBS, l'Université KU Leuven (Belgique) et l'Université Paris-Saclay, les chercheurs ont étudié la formation d'états noirs chez mEos4b vert, une PCFP largement utilisée, en utilisant la spectroscopie UV-VIS et Raman, la cristallographie aux rayons X et les simulations MD. Ils ont découvert que la formation d'un état noir majeur provient de l'isomérisation *cis-trans* du chromophore, de manière similaire à ce qui se passe dans les protéines fluorescentes réversiblement commutables (RSFP). Cependant, ils ont découvert que mEos4b ne peut pas être complètement éteint (c'est-à-dire que son «contraste de commutation» est faible), car son chromophore bouge beaucoup dans l'état noir et revient facilement vers l'état fluorescent. En comparant le nombre d'interactions par liaison H maintenues par le chromophore dans différentes protéines fluorescentes dans leurs états verts et noirs, ils ont pu suggérer que le contraste de commutation dans les RSFPs dépend de la force relative avec laquelle le chromophore est ancré à la matrice de la protéine dans l'état noir par rapport à l'état vert.

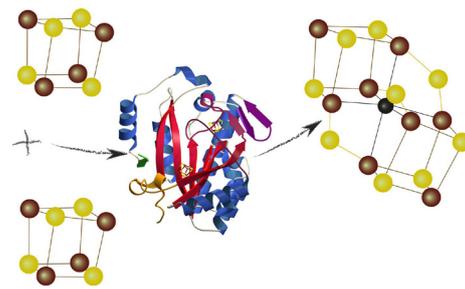


**Mechanistic Investigations of Green mEos4b Reveal a Dynamic Long-Lived Dark State.** Elke De Zitter, Jacqueline Ridard, Daniel Thedie, Virgile Adam, Bernard Levy, Martin Byrdin, Guillaume Gotthard, Luc Van Meervelt, Peter Dedecker, Isabelle Demachy, Dominique Bourgeois. *Journal of the American Chemical Society* 2020; ;142(25):10978-10988. doi: 10.1021/jacs.0c01880

## MÉCANISME MOLÉCULAIRE DU RADICAL SAM DE LA PROTÉINE NIFB, UNE ENZYME CLÉ DE COFACTEUR DE MATURATION DE LA NITROGÉNASE

L'utilisation d'organismes fixateurs d'azote apparaît de plus en plus comme une solution pertinente pour réduire nos besoins agricoles en engrais azotés. En effet, ces organismes contiennent une métalloenzyme appelée nitrogénase, acteur clé du cycle global de l'azote puisqu'elle catalyse la réduction du N<sub>2</sub> atmosphérique en 2 NH<sub>3</sub> à température ambiante et pression normale. Son site actif correspond à une espèce [MoFe<sub>7</sub>S<sub>9</sub>C-(R)-homocitrate], dont la biosynthèse ainsi que l'insertion nécessitent l'action coordonnée d'une douzaine de protéines accessoires, regroupées dans la machinerie d'assemblage NIF (pour Nitrogen Fixation). Parmi elles, la protéine à radical S-adenosyl-L-méthionine (SAM) NifB joue un rôle essentiel, en insérant simultanément un ion carbure et en fusionnant deux agrégats [Fe<sub>4</sub>S<sub>4</sub>] pour former un précurseur [Fe<sub>8</sub>S<sub>9</sub>C] qui constitue le cœur du site actif de la nitrogénase.

Des chercheurs du groupe Métalloprotéines ont déterminé la structure cristalline de la protéine NifB de *Methanotrix thermoacetophila* à une résolution de 1,95 Å dans un état précoce latent, attendant la fixation du second agrégat [Fe<sub>4</sub>S<sub>4</sub>] substrat. La structure révèle un mode de liaison de ligands unique pour le cluster K1, impliquant deux résidus de cystéine en plus d'un résidu d'histidine et de glutamate. Une boucle contenant deux acides aminés conservés est insérée dans le site actif, protégeant vraisemblablement les centres [Fe<sub>4</sub>S<sub>4</sub>] déjà présents et régulant la séquence des événements, notamment en contrôlant la double réactivité de la SAM et en empêchant la réaction chimique radicalaire de se déclencher de façon intempestive avant que le second centre [Fe<sub>4</sub>S<sub>4</sub>] substrat ne soit chargé dans la protéine.



**Structural insights into the mechanism of the radical SAM carbide synthase NifB, a key nitrogenase cofactor maturing enzyme.** Sosa Fajardo A, Legrand P, Payá-Tormo L, Martin L, Pellicer Martinez MT, Echavarrri-Erasun C, Vernède X, Rubio LM, Nicolet Y. *Journal of the American Chemical Society* 2020; 142(25):11006-11012. doi : 10.1021/jacs.0c02243

## PUBLICATIONS

Les dernières publications en date sont les suivantes :

### ◇ Publications

**Cryo-electron microscopy of the chromatin fiber.** Boopathi R, Dimitrov S, Hamiche A, Petosa C, Bednar J. *Current Opinion in Structural Biology* 2020; 64:97-103. doi: 10.1016/j.sbi.2020.06.016.

**Development of C-type lectin-oriented surfaces for high avidity glycoconjugates: towards mimicking multivalent interactions on the cell surface.** Porkolab V, Pifferi C, Sutkeviciute I, Ordanini S, Taouai M, Thépaut M, Vivès C, Benazza M, Bernardi A, Renaudet O, Fieschi F. *Organic &*

*Biomolecular Chemistry* 2020; 18(25):4763-4772. doi: 10.1039/d0ob00781a.

**«French Phage Network» Annual Conference-Fifth Meeting Report.** Laumay F, Chaïb A, Linares R, Breyton C. *Viruses* 2020; 12(4):446. doi: 10.3390/v12040446.

**Influence of the reducing-end anomeric configuration of the Man9 epitope on DC-SIGN recognition.** de la Cruz N, Ramos-Soriano J, Reina JJ, de Paz JL, Thépaut M, Fieschi F, Sousa-Herves A, Rojo J. *Organic & Biomolecular Chemistry* 2020; 18(31):6086-6094. doi: 10.1039/d0ob01380c.

**Interdomain Flexibility within NADPH Oxidase Suggested by SANS Using LMNG Stealth Carrier.** Vermot A, Petit-Härtlein I, Breyton C, Le Roy A, Thépaut M, Vivès C, Moulin M, Härtlein M, Grudinin S, Smith SME, Ebel C, Martel A, Fieschi F. *Biophysical Journal* 2020; 119(3):605-618. doi: 10.1016/j.bpj.2020.06.025.

**MASP-2 Is a Heparin-Binding Protease; Identification of Blocking Oligosaccharides.** Talsma DT, Poppelaars F, Dam W, Meter-Arkema AH, Vivès RR, Gál P, Boons GJ, Chopra P, Naggi A, Seelen MA, Berger SP, Daha MR, Stegeman CA, van den Born J, COMBAT Consortium. *Frontiers in Immunology* 2020; 11:732. doi: 10.3389/fimmu.2020.00732.

**New Structural insights into Kir channel gating from molecular simulations, HDX-MS and functional studies.** Fagnen C, Bannwarth L, Oubella I, Forest E, De Zorzi R, de Araujo A, Mhoumadi Y, Bendahhou S, Perahia D, Vénien-Bryan C. *Scientific Reports* 2020; 10(1):8392. doi: 10.1038/s41598-020-65246-z.

**Phase and fluorescence imaging with a surprisingly simple microscope based on chromatic aberration.** Mandula O., Kleman J.P, Lacroix F., Allier C., Fiole D, Hervé L., Blandin P., Kraemer D.C., Morales S. *Optics Express* 2020; 28, 2079-2090. doi: 10.1364/OE.28.002079.

**Rapid On-chip Synthesis of Complex Glycomimetics from N-glycan Scaffolds for Improved Lectin Targeting.** Cioce A, Thépaut M, Fieschi F, Reichardt N. *Chemistry European Journal* 2020; doi: 10.1002/chem.202000026.

**Safer-by-design biocide made of tri-thiol bridged silver nanoparticle assemblies.** Marchioni M, Veronesi G, Worms I, Ling WL, Gallon T, Leonard D, Gateau C, Chevallet M, Jouneau P-H, Carlini L, Battocchio C, Delangle P, Michaud-Soret I, Deniaud A. *Nanoscale Horizon* 2020; 5(3), 507-513 (2020) doi: 10.1039/C9NH00286C.

**Second-Generation Dendrimers with Chondroitin Sulfate Type-E Disaccharides as Multivalent Ligands for Langerin.** Domínguez-Rodríguez P, Vivès C, Thepaut M, Fieschi F, Nieto PM, de Paz JL, Rojo J. *Biomacromolecules* 2020; 21(7):2726-2734. doi: 10.1021/acs.biomac.0c00476.

**Structural basis for the catalytic activities of the multifunctional enzyme quinolinate synthase.** Volbeda A, Fontecilla-Camps JC. *Coordination Chemistry Reviews* 2020; Volume 417, 213370. doi.org/10.1016/j.ccr.2020.213370.

**Structure, function and assembly of the long, flexible tail of siphophages.** Linares R, Arnaud CA, Degroux S, Schoehn G, Breyton C. *Current Opinion in Virology* 2020; 45:34-42. doi: 10.1016/j.coviro.2020.06.010.

**Targeting of the C-Type Lectin Receptor Langerin Using Bifunctional Mannosylated Antigens.** Li RE, Hogervorst TP, Achilli S, Bruijns SCM, Spiekstra S, Vivès C, Thépaut M, Filippov DV, van der Marel GA, van Vliet SJ, Fieschi F, Codée JDC, van Kooyk Y. *Frontiers in Cell and Developmental Biology* 2020; 8:556. doi: 10.3389/fcell.2020.00556.

**TETRALEC, Artificial Tetrameric Lectins: A Tool to Screen Ligand and Pathogen Interactions.** Achilli S, Monteiro JT, Serna S, Mayer-Lambertz S, Thépaut M, Le Roy A, Ebel C, Reichardt NC, Lepenies B, Fieschi F, Vivès C. *International Journal of Molecular Sciences* 2020; 21:5290. doi: 10.3390/ijms21155290.

**The adenovirus dodecahedron, beyond the platonic story.** Besson S, Vragneau C, Stermann-Vassal E, Dagher MC and Fender P. *Viruses* 2020; 12(7), 718. doi: 10.3390/v12070718.

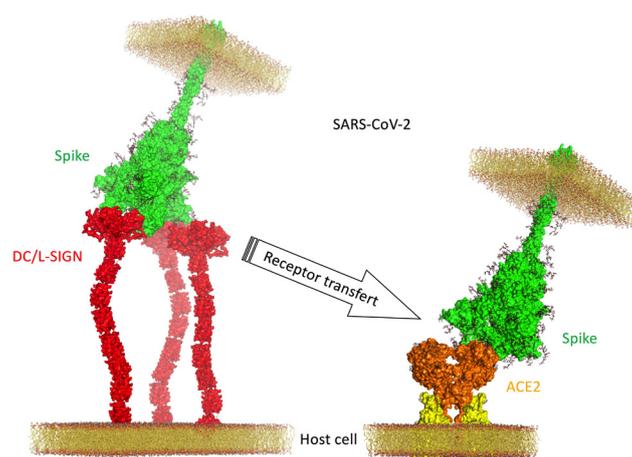
## ◇ Livres ou chapitres de livre

Méthode en Immunologie - Des principes aux bonnes applications Chapitre 6 « Tests cellulaires », 2d édition. Editeur Elsevier Masson, parution Juin 2020 – MJ Stasia

## PREMIERS RÉSULTATS DE LA MOBILISATION DE L'IBS DANS LA LUTTE CONTRE LE CORONAVIRUS SARS-COV-2

La glycoprotéine S, présente à la surface du Coronavirus SARS-CoV-2, permet l'entrée du virus dans les cellules humaines via son interaction avec un récepteur, l'enzyme ACE2, présent à la surface des cellules infectées. L'équipe de F. Fieschi du groupe M&P, à laquelle sont associés des membres des groupes IRPAS et MEM, vient de mettre en évidence que des récepteurs lectines (DC-SIGN, L-SIGN, MGL et Langerin) de cellules immunitaires sont également capables de reconnaître la protéine S du SARS-CoV-2. Cette interaction implique une reconnaissance multi-site de la protéine S en exploitant les différents glycanes (sucres) de surface de la protéine S. Ils ont montré que cette interaction ne permet pas d'induire l'infection directe des cellules (infection cis) par le SARS-CoV-2. Par contre, parmi ces récepteurs, DC-SIGN et L-SIGN sont capables après capture de transmettre le virus à des cellules permissives possédant ACE2 (infection en trans). C'est donc un nouveau mode de transmission, dans le processus global d'infection, que ces chercheurs mettent en avant dans une publication déposée sur le site de preprint BioRxiv et qui est actuellement en cours d'évaluation par un journal à comité de lecture. Ils ont également montré qu'il est possible d'inhiber ce nouveau mode de transmission du virus par l'utilisation de glycomimétiques précédemment développés à l'IBS.

doi.org/10.1101/2020.08.09.242917



## RENCONTRES SCIENTIFIQUES

### REPRISE DES SÉMINAIRES IBS

Les séminaires IBS, principalement animés par des conférenciers extérieurs, reprendront le vendredi à partir de mi-septembre. Ces séminaires auront lieu en présentiel, mais en raison de la situation sanitaire, le port du masque sera obligatoire et la salle des séminaires de l'IBS ne pourra accueillir qu'une quarantaine de personnes afin de respecter la distanciation sociale. En conséquence il sera nécessaire de s'inscrire au moins 2 jours à l'avance, afin que - si la jauge est atteinte - une version hybride présentielle/visioconférence puisse être organisée. Les conférenciers pressentis pour le printemps ont été reprogrammés cet automne, le programme et les modalités d'inscription sont consultable sur <https://www.ibs.fr/seminaires-et-evenements/seminaires-soutenances-et-cours/>.

### JOURNÉES 2020 DU RIME - 30 SEPTEMBRE AU 02 OCTOBRE 2020 - AUTRANS

Initialement programmées du 11 au 13 mai à Autrans, les journées 2020 du Réseau d'Imagerie en Microscopie Electronique (RIME) auront lieu du mercredi 30 septembre au vendredi 02 octobre 2020. Le thème de cette année est la « caractérisation de nano-objets (biologiques et métalliques) par microscopie électronique ». Plus d'informations sur <http://rccm.cnrs.fr>.

### RAPPEL : 7EME ÉCOLE DE BIOLOGIE STRUCTURALE INTÉGRATIVE - DU 09 AU 16 OCTOBRE 2020 - OLERON

Initialement prévue en juin, cette école, organisée par le réseau RéNaFoBIS, propose une formation théorique et appliquée aux différentes approches utilisées en biologie structurale (diffraction et diffusion des rayons X, RMN, cryo-microscopie, préparations des échantillons en vue des études structurales, interactions macromoléculaires). Elle met l'accent sur l'intégration de plusieurs de ces méthodes pour répondre aux grandes questions de la biologie fonctionnelle à l'échelle atomique.

Destinée principalement à un public de doctorants ou de jeunes chercheurs, cette formation a pour but de montrer les apports et les limites de chaque méthode et leur complémentarité. Elle inclut des sessions théoriques le matin et des travaux pratiques en groupes l'après-midi. Cette école est ouverte aux techniciens et ingénieurs (domaine académique et industriel) dans le cadre de la formation continue. D. Housset, du groupe MEM de l'IBS, en est co-organisateur et des scientifiques de l'IBS interviendront lors de la formation. Plus d'informations sur <https://www.renafobis.fr/>.

## SEMINAIRES & SOUTENANCES DE THESE

Les séminaires IBS reprennent le vendredi à 11h. En raison de la situation sanitaire, ils sont proposés en version hybride présentielle/visioconférence. Le programme du mois en cours est consultable sur <https://www.ibs.fr/seminaires-et-evenements/seminaires-soutenances-et-cours/>

**Le jeudi 08 octobre à 9h30, soutenance de thèse de Kaiyao WEI (IBS/Groupe VIC)**, intitulée « Développement d'une nouvelle stratégie antifongique ciblant un domaine de lecture épigénétique »,

**Le lundi 09 novembre à 14h, soutenance de thèse de Bowen LIU (IBS/Groupe PG)**, intitulée « RBM-like proteins involved in bacterial sporulation ».

## FÊTE DE LA SCIENCE

Suite aux recommandations du Ministère de l'Enseignement Supérieur de la Recherche de privilégier des opérations numériques ou à faible jauge pour la Fête de la Science 2020, les opérations prévues par l'IBS ont été reconfigurées. Le nouveau programme proposé par l'IBS du 02 au 12 octobre prochain est le suivant :

- des ateliers pour classes de CM2 dans les écoles - du 05 au 09 octobre 2020 - 4 créneaux
- des interventions auprès de lycéens (en classe ou en live) pour échanger autour des carrières scientifiques dans la recherche - du 05 au 09 octobre 2020 - 4 créneaux

Contact : [odile.cavoret@ibs.fr](mailto:odile.cavoret@ibs.fr)



## DISTINCTIONS



### Hélène Malet, membre Junior de l'IUF

Hélène Malet, Maître de Conférences à l'Université Grenoble Alpes et chercheuse au sein du groupe de Microscopie Électronique et Méthodes de l'IBS, est nommée membre Junior de l'Institut Universitaire de France (IUF) à compter du 1er octobre 2020, pour une durée de 5 ans.



### Prix de la Publication Jeunes Chercheurs IBS 2019/2020

La journée IBS 2020 n'a pu avoir lieu en raison de la situation sanitaire mais le Prix du Jeune chercheur IBS 2019-2020 a tout de même été décerné. Le lauréat est Kirill Kovalev du groupe MEMBRANE pour ses publications parues depuis juin 2019 sur la structure de protéines membranaires, en particulier les rhodopsines microbiennes : *Sci Rep.* 9(1):18547 (2019); *Nat. Commun.* 10, 4939 (2019); *Crystals.* 10, 6 (2020); *PNAS.* 117, 8 (2020), *Nat. Commun.* 11, 2137 (2020)

## NOUVEAUX EQUIPEMENTS

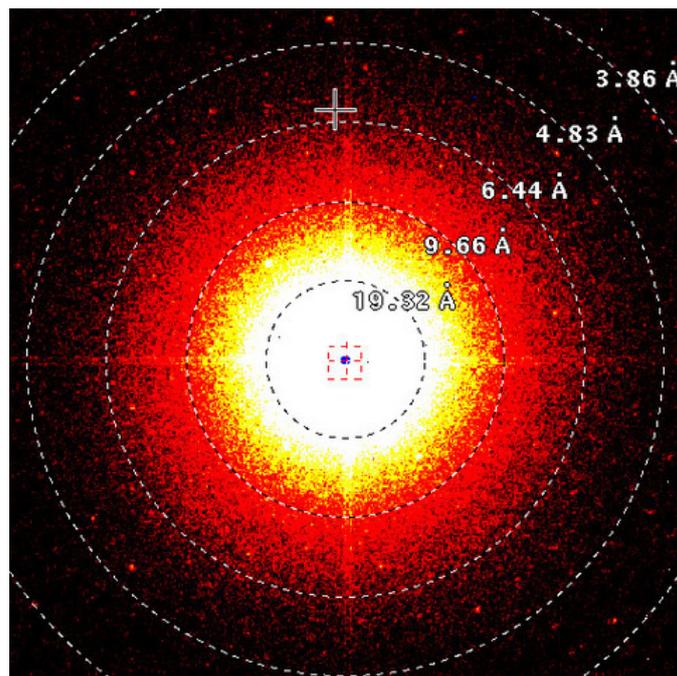
### Un nouveau détecteur pour la diffraction électronique à l'IBS

Un nouveau détecteur de type pixel hybride Cheetah d'Amsterdam Scientific Instruments a été installé sur le cryomicroscope électronique Tecnai F20 de la plateforme de microscopie électronique de l'IBS. Ce détecteur est dédié au développement de la diffraction électronique pour la détermination de la structure des protéines, une technique prometteuse qui est unique dans sa capacité à utiliser des cristaux de taille nanométrique et à fournir des informations sur les états de charge des ions métalliques dans les molécules des protéines (bioRxiv : 10.1101/2020.07.08.191049). L'ILL a participé à l'acquisition de ce détecteur, également financé par une partie de la vente du microscope Polara.



Ce nouveau détecteur utilise la puce Medipix3 développée par les collaborations Medipix, initialement mises en place pour relever le défi du traçage des particules au LHC du CERN. La même puce Medipix3 est également utilisée avec le détecteur LAMBDA de dernière génération des synchrotrons. Elle présente une sensibilité à un seul électron ( $DQE(0) > 0,9$ ) et une fréquence d'image élevée (temps mort zéro, 2 kHz). Grâce à une fonction de seuillage intégrée à la puce, l'acquisition des données est quasiment sans bruit. Il est important de noter que le détecteur est résistant aux radiations et possède une gamme dynamique élevée, ce qui permet d'acquérir des modèles de diffraction de faible intensité, comme la diffraction des cristaux de protéines, sans arrêt de faisceau pour le faisceau direct.

Des données préliminaires ont été collectées sur le microscope Tecnai F20 en utilisant ce nouveau détecteur. Des données de rotation continue ont été collectées sur un cristal d'oxyde de molybdène à température ambiante, ainsi que sur un cristal de lysozyme à température d'azote liquide. Comme le montrent nos données préliminaires, les échantillons de protéines constituent toujours un défi en raison du nombre limité de cellules unitaires disponibles dans un nano-cristal et de leur sensibilité aux rayonnements. Si vous avez des cristaux de protéines robustes de la taille nanométrique, n'hésitez pas à contacter Wai-Li Ling, Dominique Housset.



Cliché de diffraction d'un cristal de Lysozyme

## VIDEO INSTITUTIONNELLE IBS

Pour mieux faire connaître notre institut à de futurs collaborateurs ou étudiants, une vidéo a été réalisée juste avant le confinement. Elle est disponible à la rubrique « Présentation / Communication » de notre site web, mais également sur Youtube (sur la chaîne « IBS Grenoble »).

## NOS CHERCHEURS DANS LES MEDIAS

- Les projets de recherche menés par l'IBS pour contribuer à la production de connaissances sur le Coronavirus SARS-CoV-2 ont été listés dans la 3e lettre interne de la Direction de la Communication du CEA dédiée à l'actualité scientifique et parue en juin 2020,
- Par ailleurs, le Journal du CEA Grenoble a publié un focus détaillé sur nos travaux visant à mieux connaître la glycoprotéine Spike de ce virus (dans le n° 191 de juin 2020),
- La société de production Bleu Kobalt a interviewé Joseph Zaccai, Directeur de Recherche Emérite au CNRS attaché à l'IBS, début septembre au sujet de la bactérie *Halomonas*, organisme extrémophile qui participe aux processus de corrosion du Titanic. Ce tournage était organisé dans le cadre d'un documentaire de 90 minutes développé et produit avec France Télévision pour la case de prime time du mardi soir « Science Grand format ». Une diffusion à l'international est également prévue (dès novembre 2020, pour certains pays). Le calendrier de diffusion sera précisé ultérieurement.