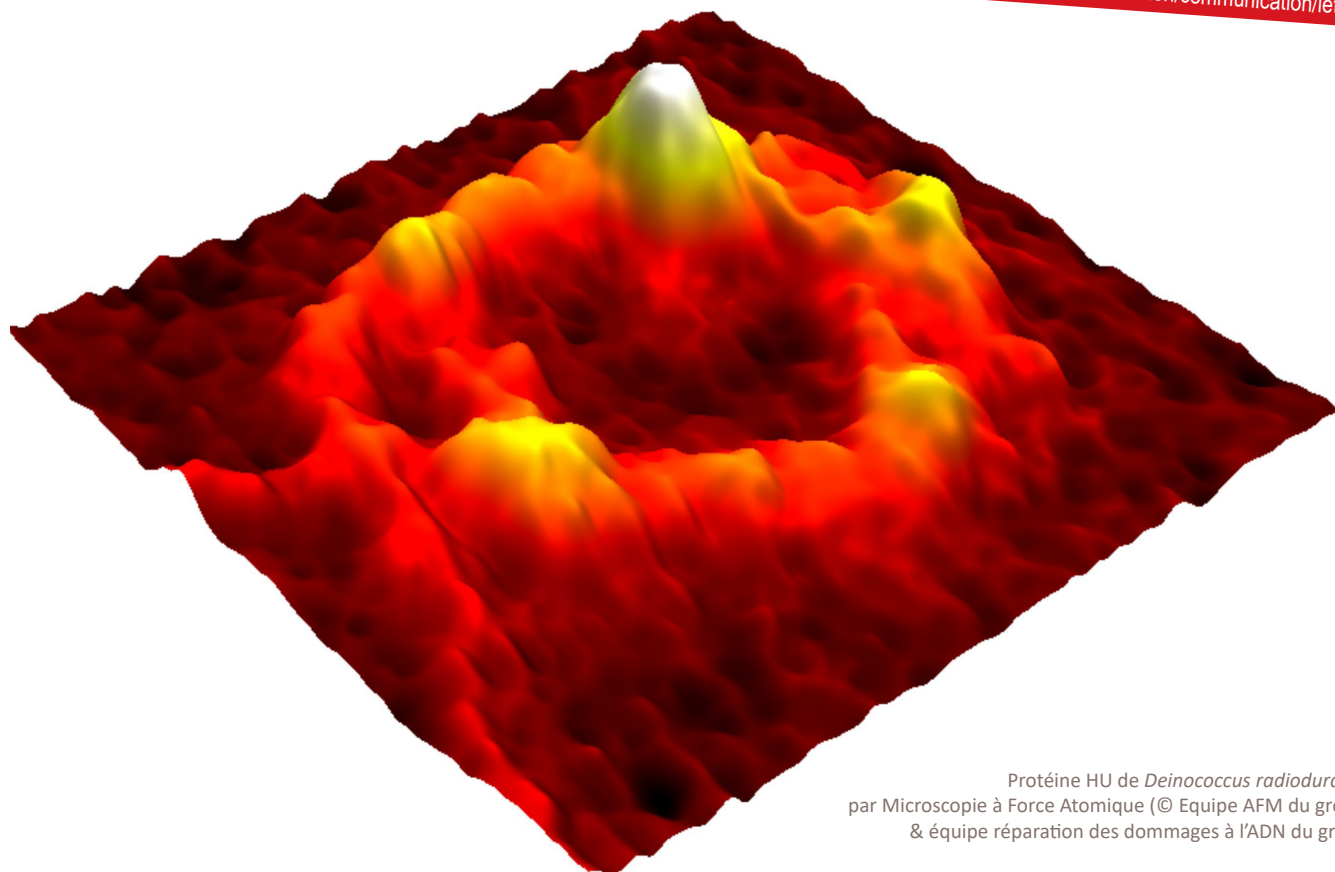




Protéine HU de *Deinococcus radiodurans* imagée par Microscopie à Force Atomique (© Equipe AFM du groupe MEM & équipe réparation des dommages à l'ADN du groupe I2SR)

SOMMAIRE

ZOOMS SCIENTIFIQUES.....	p. 2
PUBLICATIONS.....	p. 3
CONTRATS OBTENUS PAR L'IBS.....	p. 3-4
REORGANISATION. DES GROUPES.....	p. 4-5
RENCONTRES SCIENTIFIQUES.....	p. 5
SOUTENANCES.....	p. 5
ANIMATION DES AXES	p. 5
NOUVEAUX INSTRUMENTS.....	p. 6
DISTINCTIONS.....	p. 6
A NOTER.....	p. 7

EDITO

L'année 2020 est passée et il n'y a pas grand chose à ajouter à cette année... bouleversante ! Jusqu'à présent, l'IBS a très bien géré la crise sanitaire et j'espère que nous continuerons à le faire avec votre compréhension et votre vigilance. Cependant, 2020 a eu plus à offrir. Nous avons brillamment réussi notre évaluation HCERES et vous pouvez tous être fiers du résultat. Nous accueillons, pour le nouveau quinquennal qui vient de commencer, deux nouveaux groupes et j'espère que les réorganisations prévues faciliteront encore plus les collaborations fructueuses au sein de l'IBS. Je me réjouis de travailler avec vous et de soutenir vos projets scientifiques passionnants dans ce nouveau quinquennal. J'espère que 2021 apportera surtout une certaine normalité dans notre vie, mais également du bonheur. Je vous souhaite à tous, ainsi qu'à vos proches, une excellente année 2021.

Winfried Weissenhorn

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 :

Comité de rédaction :

Correspondants pour
la rédaction des rubriques :

Contributeurs aux zooms :

W. Weissenhorn

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

P. Amara, D. Bourgeois, A. Dessen, S. Elsen, F. Fieschi, B. Franzetti,
I. Gutsche, M. Jamin, H. Lortat-Jacob, S. Milles, C. Morlot, E. Neumann,
H. Nury, C. Petosa, P. Pognard, A. Royant, J.P. Simorre, N. Thielens,
M. Vivaudou, M. Weik, W. Weissenhorn

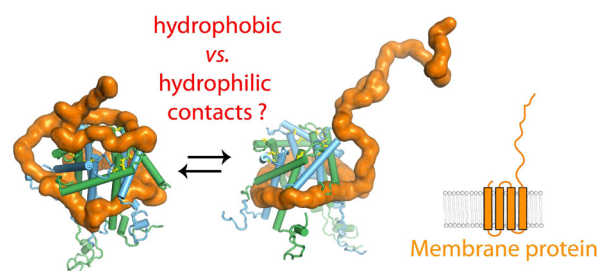
I. Gutsche, J.L. Pellequer, P. Schanda

ZOOM SUR...
COMMENT LES CHAPERONNES DISTINGUENT-ELLES LES PROTÉINES QU'ELLES TRANSPORTENT ?

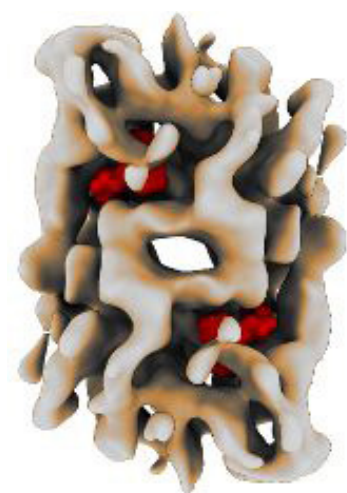
Le protéome mitochondrial humain est estimé à plus d'un millier de protéines dont 99% sont synthétisées en dehors des mitochondries. Ces protéines sont importées à l'intérieur de la mitochondrie dans des endroits très spécifiques, dans une des membranes, dans l'espace inter-membranaire ou dans la matrice. Les mécanismes moléculaires de l'import sont encore mal compris au niveau atomique.

Une étude du groupe NMR a mis en lumière la base mécanistique de la spécificité du système de chaperonnes de l'espace intermembranaire des mitochondries. Sucec *et al.* ont étudié comment deux chaperonnes homologues (mais qui ont différentes fonctions) interagissent avec différentes protéines membranaires qui, elles, sont importées par ces chaperonnes. En combinant des techniques de RMN, de diffusion des rayons X aux petits angles (SAXS), d'ultracentrifugation analytique (AUC) et de simulation de dynamique moléculaire (MD) et d'autres approches biophysiques/biochimiques, ils ont pu démontrer la formation de différents types de complexes chaperons. L'équilibre délicat entre promiscuité et spécificité que ces chaperonnes doivent satisfaire est le résultat d'un mélange d'interactions hydrophobes et hydrophiles envers différentes protéines clientes.

Ces travaux contribuent à l'avancement des connaissances sur la biogenèse des mitochondries, et plus généralement sur le fonctionnement des chaperons, acteurs importants de l'homéostasie des protéines cellulaires.



In-Structural basis of client specificity in mitochondrial membrane-protein chaperones. Sucec I, Wang Y, Dakhlou O, Weinhaupl K, Jores T, Costa D, Hessel A, Brennich M, Rapaport D, Lindorff-Larsen K, Bersch B and Schanda P. *Science Adv.ances* 2020;6(51):eabd0263

VERS LE MÉCANISME D'ACTION DU COMPLEXE D'ASSEMBLAGE DU COMPLEXE I RESPIRATOIRE CHEZ LA MITOCHONDRIE


Les complexes respiratoires situés dans les membranes internes de nos mitochondries sont de véritables batteries macromoléculaires : ils couplent le flux d'électrons à travers des clusters de métaux et des cofacteurs avec un transfert de protons pour créer un gradient qui fournit l'énergie nécessaire à la production d'ATP et donc à l'alimentation des processus essentiels de la vie. Le premier complexe dans la chaîne respiratoire, nommé Complexe I, est une des plus grandes protéines membranaires, composée de 45 sous-unités. Les processus de son assemblage et de sa régulation sophistiquée sont encore mal connus, mais on sait que leur perturbation conduit à des maladies neurogénétiques telles qu'Alzheimer et accompagne le processus de vieillissement en général. Dans ce manuscrit, issu d'une collaboration entre l'équipe de Montserrat Soler-Lopez à l'ESRF et des chercheurs de l'IBS, une combinaison de techniques biochimiques, biophysiques et structurales a été utilisée pour élucider le mécanisme d'action d'un sous-complexe du complexe d'assemblage du Complexe I humain. Il s'avère ainsi que la protéine ECSIT joue un rôle clé dans la régulation de la protéine ACAD9 qui jongle entre deux activités incompatibles. En effet, la liaison d'ECSIT à ACAD9 éjecte le cofacteur FAD nécessaire à l'implication d'ACAD9 dans l'oxydation d'acides gras, afin de la réorienter vers l'action sur l'assemblage du Complexe I. L'ensemble de ses résultats sont d'une grande pertinence pour le domaine de la neurobiologie mitochondriale et ouvre de multiples pistes de recherche.

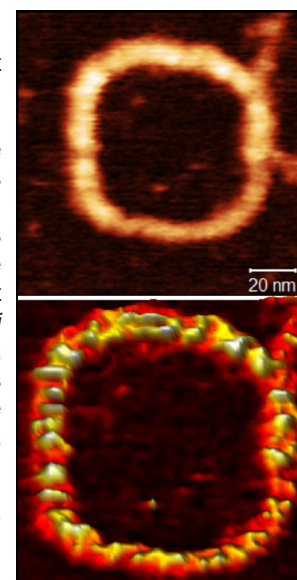
Assembly of the mitochondrial Complex I assembly complex suggests a regulatory role for deffavination. Giachin G, Jessop M, Bouverot R, Acajaoui S, Saidi M, Chretien A, Bacia-Verloop M, Signor L, Mas PJ, Favier A, Borel Meneroud E, Hons M, Hart DJ, Kandiah E, Boeri Erba E, Buisson A, Leonard G, Gutsche I and Soler-Lopez M. *Angewandte chemie* 2020; doi: 10.1002/anie.202011548

LA PROTÉINE HU DE *DEINOCOCCUS RADIODURANS* IMAGÉE PAR AFM

Contrairement aux eucaryotes qui possèdent leur matériel génétique au sein d'un noyau, l'ADN bactérien est maintenant connu pour être plutôt regroupé en régions diffuses, mais non aléatoires, que sont les nucléoïdes. Mais comment sont-ils organisés ?

HU est une protéine importante, voire essentielle, dans certains nucléoïdes bactériens. La fonction cellulaire de HU dans la compaction de l'ADN est cependant controversée pratiquement depuis son identification dans les années 1970, notamment par des comportements différents d'une espèce à une autre. L'équipe AFM du groupe MEM, en collaboration avec l'équipe Lésions et Réparation de l'ADN du groupe VIC, a permis d'imager pour la première fois la protéine HU de *Deinococcus radiodurans* (DrHU) par Microscopie à Force Atomique (AFM). Ce travail met en avant un tout nouveau traitement d'image AFM, basé sur un filtre utilisant l'opérateur Laplacien, qui permet d'observer la protéine DrHU sur des plasmides natifs produits par *E. coli* ainsi que sur des plasmides linéarisés. Ce filtre permet d'améliorer la visibilité des molécules uniques au-delà de la limitation liée au phénomène de convolution de pointe AFM. Les images AFM suggèrent deux fonctions majeures de DrHU dans la condensation, mais aussi la décondensation de l'ADN double brin. La dynamique d'auto-compactage de l'ADN nu, ainsi que la concentration de DrHU, sont des paramètres importants dans la performance cellulaire de DrHU.

Nanoscale surface structures of DNA bound to *Deinococcus radiodurans* HU unveiled by atomic force microscopy. Chen SWW, Banneville AS, Teulon JM, Timmins J and Pellequer JL. *Nanoscale* 2020;12(44):22628-22638



PUBLICATIONS

Les dernières publications en date sont les suivantes :

♦ Publications

A structure-function study of ZraP and ZraS provides new insights into the two-component system Zra. Taher R and de Rosny E. *Biochimica et Biophysica Acta- General Subject* 2020; 1865(3): 129810

AAA+ ATPases: structural insertions under the magnifying glass. Jessop M, Felix J and Gutsche I. *Current Opinion in Structural Biology* 2020; 66(119-28

Aequorea's secrets revealed: New fluorescent proteins with unique properties for bioimaging and biosensing. Lambert GG, Depernet H, Gotthard G, Schultz DT, Navizet I, Lambert T, Adams SR, Torrealanca-Zanca A, Chu M, Bindels DS, Levesque V, Nero Moffatt J, Salih A, Royant A and Shaner NC. *PLoS Biology* 2020; 18(11): e3000936

Cysteine oxidation and disulfide formation in the ribosomal exit tunnel. Schulte L, Mao J, Reitz J, Sreeramulu S, Kudlinzki D, Hodirnau VV, Meier-Credo J, Saxena K, Buhr F, Langer JD, Blackledge M, Frangakis AS, Glaubit C and Schwalbe H. *Nature Communications* 2020; 11(1): 5569

Defining the function of OmpA in the Rcs stress response. Dekoninck K, Letoquart J, Laguri C, Demange P, Bevernaegie R, Simorre JP, Dehu O, Iorga BI, Elias B, Cho SH and Collet JF. *Elife* 2020; 9:e60861

Millisecond time-resolved serial oscillation crystallography of a blue-light photoreceptor at a synchrotron. Aumonier S, Santoni G, Gotthard G, von Stetten D, Leonard GA and Royant A. *IUCr Journals* 2020; 7(Pt 4): 728-36

SPOR Proteins Are Required for Functionality of Class A Penicillin-Binding Proteins in *Escherichia coli*. Pazos M, Peters K, Boes A, Safaei Y, Kenward C, Caveney NA, Laguri C, Breukink E, Strynadka NCJ, Simorre JP, Terrak M and Vollmer W. *mBio* 2020; 11(6): e02796-20

Statistically correcting dynamical electron scattering improves the refinement of protein nanocrystals, including charge refinement of coordinated metals. Blum TB, Housset D, Clabbers MTB, van Genderen E, Bacia-Verloop M, Zander U, McCarthy AA, Schoehn G, Ling WL and Abrahamsa P. *Acta Crystallographica Section D Structural Biology* 2020; 77(1): 75-85

Structure, function and assembly of the long, flexible tail of siphophages. Linares R, Arnaud CA, Degroux S, Schoehn G and Breyton C. *Current Opinion in Virology* 2020; 45(34-42)

Ultrafast structural changes within a photosynthetic reaction centre. Dods R, Båth P, Morozov D, Gagnér VA, Arnlund D, Luk HL, Kübel J, Maj M, Vallejos A, Wickstrand C, Bosman R, Beyerlein KR, Nelson G, Liang M, Milathianaki D, Robinson J, Harimoorthy R, Berntsen P, Malmerberg E, Johansson L, Andersson R, Carbajo S, Claesson E, Conrad CE, Dahl P, Hammarin G, Hunter MS, Li C, Lisova S, Royant A, Safari C, Sharma A, Williams GJ, Yefanov O, Westenhoff S, Davidsson J, DePonte DP, Boutet S, Barty A, Katona G, Groenhof G, Brändén G and Neutze R. *Nature* 2020; in press

CONTRATS OBTENUS PAR L'IBS COURANT 2020
♦ ANR 2020

La liste des ANR (déjà diffusée dans les précédents numéros de 2020) est consultable sur <https://www.ibs.fr/recherche/contrats/>. En outre sont venus récemment s'ajouter :

ANR Recherche-Action Covid-19:

- projet S-VLP (Vaccination avec des particules lipidiques synthétiques recouvertes de glycoprotéine d'enveloppe trimérique S du SARS-CoV-2), coordinateur : W. Weissenhorn (IBS/EBEV),
- projet COVI-COMPLECT (Rôle de la voie lectine du complément dans la pathogenèse de l'infection au SARS-CoV-2), coordinatrice : N. Thielens (IBS/IRPAS)

♦ Autres financements

- ATIP-Avenir** : Rebekka Wild (IBS/SAGAG) est lauréate du programme ATIP-Avenir pour développer un projet de recherche sur les mécanismes de biosynthèse des héparines sulfates,
- Ligue Contre le Cancer** : Pauline Macheboeuf (IBS/PATBAC) a obtenu un financement de la Ligue Contre le Cancer pour le projet MEGA COMP qui vise la compréhension structurale et fonctionnelle de protéines qui synthétisent la colibactine - Période : 2020-2021 (18 mois),
- FINOVI** : Malene Ringkjøbing Jensen (IBS/FDP) a obtenu un financement de la Fondation Innovations en Infectiologie (FINOVI) pour un projet qui vise à étudier la structure, l'assemblage et la dynamique du complexe CPSF (Cleavage and polyadenylation specificity factor) des parasites cryptosporidium. Le projet est coordonné par Andrés Palencia (IAB, Grenoble) - Période : 24 mois,
- INEXT-DISCOVERY** : l'IBS est partenaire d'un projet d'Initiative Intégrée d'Infrastructure européenne (I3), qui donne accès aux instruments de biologie structurale de pointe (RMN, cryo-EM, X-ray) à la communauté de biologie européenne. Ce contrat finance un projet de recherche en développement RMN, ainsi que des frais de missions pour les utilisateurs européens externes de la plateforme RMN et des frais d'utilisation des machines. Contact IBS : B. Brutscher - Période : 2020-2024,
- Comité CARE** : Christophe Moreau (IBS/MEMBRANE) a obtenu un financement du Comité analyse, recherche et expertise (CARE) Covid-19 (MESRI/DGRI) pour un projet de détection du virus SARS-CoV-2,
- SANOFI** : Contrat de collaboration et bourse CIFRE pour le développement d'approches innovantes de marquage isotopique pour la caractérisation par RMN d'anticorps monoclonaux. Contact: J. Boisbouvier (IBS/NMR) - Période : 2020-2023,
- CEA IR BIO** : Joanna Timmins a obtenu un financement (récurrent) du segment Radiobiologie du CEA pour ses travaux sur la radio-résistance de *Deinococcus radiodurans* et sur les effets néfastes des radiations ionisantes.

♦ Financements de bourses

- Contrats Réseaux de formation innovante** : Sofia Maria Kapetanaki (IBS/DYNAMOP) a obtenu une bourse Marie Skłodowska-Curie pour effectuer un post-doctorat visant à comprendre la signalisation dans les photorécepteurs impliqués dans la régulation des gènes de la photosynthèse bactérienne en utilisant la cristallographie sérielle et des spectroscopies résolues en temps. Période 2020-2022,

• **Bourses de thèse GRAL** : Dans le cadre de l'Ecole universitaire de recherche en Chimie, Biologie et Santé (CBH-EUR-GS) et en collaboration avec l'Université de Grenoble, le LABEX-GRAL finance 4 bourses de thèse à l'IBS pour la période 2020-2023 dans le domaine de la biologie structurale et cellulaire intégrée :

- Porteur : Ina Attrée (IBS/PB&RC), doctorante : Adèle Renier,
- Porteur : Malene R. Jensen (IBS/FDP), doctorante : Lenette Frøsig Kjær,
- Porteur : Irina Gutsche (IBS/MEM), doctorant : Lorenzo Gaifas
- Porteur : Jacques-Philippe Colletier (IBS/DYNAMOP), doctorant : Rory Munro (arrivera en février).

REORGANISATION DES GROUPES

En ce début de quinquennal, deux nouveaux groupes sont créés à l'IBS (I2SR et PB&RC), deux groupes fusionnent avec d'autres (CHANNELS et IRPAS) et un groupe change de nom et de périmètre (VIC). Découvrez les modifications en détails :

- Localisé au deuxième étage du bâtiment IBS et au CIBB, le groupe des Transporteurs Membranaires (MEMBRANE) s'enrichit du groupe de Michel Vivaudou (CHANNELS). Le groupe MEMBRANE sera donc désormais composé de quatre équipes : celles de Michel Vivaudou, Valentin Gordeliy, Christophe Moreau et Hugues Nury. Ce groupe continuera d'étudier des phénomènes de transport et de signalisation membranaire, grâce à l'électrophysiologie et aux techniques structurales.

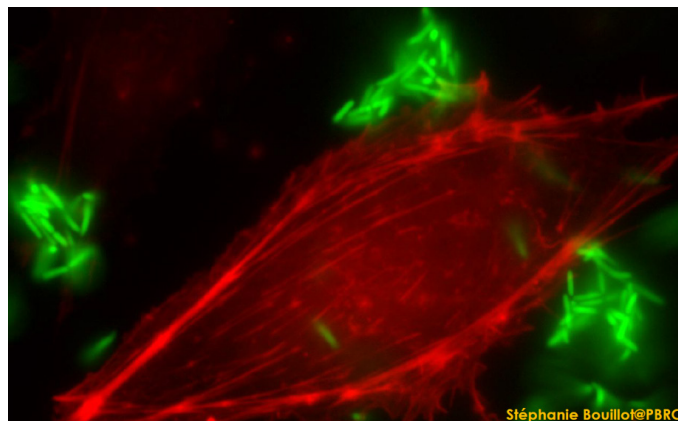
- Le groupe Infection virale et cancer (VIC) se réorganise et prend le nom de groupe Épigenétique et voies moléculaires (EPIGEN). Il est dorénavant composé des équipes de Carlo Petosa et de Jan Kadlec. Ce groupe s'intéresse de façon générale à l'étude structurale et fonctionnelle des complexes multiprotéiques et protéine/acide nucléique qui jouent un rôle dans l'organisation de la chromatine, la signalisation épigénétique, et la régulation de l'expression génique eucaryote et virale.

- Le nouveau groupe I2SR (Imagerie Intégrative de la Réponse au Stress) est entré en fonctionnement le 1er janvier 2021. Ce groupe rassemble les équipes « DDR » de Joanna Timmins et « Pixel » de Dominique Bourgeois, et la plate-forme M4D dirigée par Jean-Philippe Kleman. Philippe Frachet, Pascale Tacnet, Samy Dufour et Jean-Philippe Kleman, du groupe IRPAS, rejoindront aussi le groupe I2SR, qui sera dirigé pour la première partie du quinquennal par Dominique Bourgeois. La création du groupe I2SR est une action « bottom-up », visant à créer une réelle synergie entre une équipe à vocation méthodologique (Pixel) et une équipe plus tournée vers la biologie (DDR). En utilisant des techniques de pointe en imagerie de fluorescence avancée, notamment la microscopie super-résolution, le groupe travaillera sur la résistance au stress chez certaines bactéries et cellules eucaryotes. Notamment, le groupe étudiera l'exceptionnelle résistance aux radiations de la bactérie *Deinococcus radiodurans*, les mécanismes de résistance de cellules cancéreuses, ainsi que la phagocytose de cellules apoptotiques. Autour de ces projets, le groupe développera des protéines fluorescentes aux propriétés améliorées.



Photo du groupe I2SR

- Le groupe « Pathogénèse Bactérienne et Réponses Cellulaires » (PB&RC) est rattaché à l'IBS à compter du 1er janvier 2021. Ce groupe, dirigé par Ina Attrée, est reconnu pour son expertise sur la virulence bactérienne, utilisant *Pseudomonas aeruginosa* comme modèle. Il vise à déchiffrer les mécanismes fondamentaux de virulence, ainsi que les stratégies utilisées par les pathogènes pour résister aux antimicrobiens et aux composants du système immunitaire et favoriser ainsi les infections. Il étudie l'interaction hôte-pathogènes en employant des approches combinant génétique, biochimie, microbiologie cellulaire et criblages génétiques à l'échelle du génome entier (CRISPR-Cas, Tn-Seq, RNA-Seq ...). Le groupe PB&RC se positionne à l'interface de la recherche translationnelle avec des applications possibles en clinique. Il est constitué de 11 statutaires (5 chercheurs/ingénieurs chercheurs (CNRS, CEA), 1 enseignant chercheur UGA, 2 praticiens CHU et 3 ingénieurs/techniciens (CNRS, CEA)) ainsi que de 4 étudiants en thèse et plusieurs stagiaires (BTS Alternance, Master 2...). Le groupe PB&RC prévoit de rejoindre physiquement l'IBS fin 2021 et sera installé au 2ème étage du bâtiment principal.



Cellule épithéliale (rouge) infectée par les bactéries *Pseudomonas aeruginosa* exprimant la GFP (vert)



Photo du groupe PB&RC

• Compte-tenu du départ à la retraite de Nicole Thielens prévu fin 2021, une restructuration des activités d'IRPAS a été validée par l'HCERES, incluant la fermeture du groupe début 2021. En conséquence, Jean-Philippe Kleman rejoint l'équipe de Joanna Timmins et Pascale Tacnet, Philippe Frachet et Samy Dufour rejoignent celle de Dominique Bourgeois au sein du nouveau groupe I2SR. Anne Chouquet rejoint le groupe PG. Isabelle Bally, Guillaume Fouët, Christine Gaboriaud, Jean-Baptiste Reiser, Véronique Rossi et Nicole Thielens sont rattachés au groupe CAID (Complement, Antibodies and Infectious Diseases) dirigé par Pascal Poignard. Isabelle Bally change de thématique en intégrant l'équipe de Pascal Poignard au sein du groupe CAID. Les travaux du projet C1qEffero sur les fonctions de la protéine C1q dans l'efferocytose se poursuivront jusqu'à la fin du contrat ANR début 2022 et l'activité sur les protéines du complément continuera sous la responsabilité de Christine Gaboriaud dans une partie des locaux d'IRPAS. Cette activité sera renforcée par l'arrivée de Chantal Dumestre-Pérard, MCU-PH au CHUGA et spécialiste du complément. Jean-Philippe Kleman et Jean-Baptiste Reiser restent les responsables respectifs des plateformes M4D et SPR/BLI de l'ISBG.

Le groupe IRPAS avait été créé en janvier 2011 dans le prolongement du Laboratoire d'Enzymologie Moléculaire (LEM), l'un des dix laboratoires fondateurs de l'IBS (constitué à l'origine des équipes de Gérard Arlaud, parti à la retraite en 2010 et de Jean Gagnon, qui a quitté l'IBS en 2003). Le groupe IRPAS regroupait en 2011 trois équipes dirigées par Nicole Thielens et Philippe Frachet (issus du LEM) et par Dominique Housset (alors basé au CIBB). L'équipe de Nicole Thielens a été renforcée lors de la création d'IRPAS par l'arrivée de Christine Gaboriaud, originaire du Laboratoire de Cristallographie et Cristallogenèse des Protéines (LCCP) et l'équipe de Philippe Frachet par l'arrivée de Jean-Philippe Kleman (précédemment co-responsable avec Dominique Housset de l'équipe Cellular Response and Immunity du CIBB). Le regroupement géographique des trois équipes a été rendu possible à l'automne 2013 par l'emménagement dans le laboratoire 520 du 4ème étage du nouveau bâtiment IBS. Le groupe IRPAS a été reconduit en janvier 2016 sous la forme d'un groupe mono-équipe dirigé par Nicole Thielens, avec une thématique principale portant sur les Collagènes de défense et la Réponse Immune, incluant le projet C1qEffero, ainsi que plusieurs projets collaboratifs concernant notamment le rôle de protéines de l'immunité innée dans diverses pathologies, qui ont donné lieu à près de 60 publications depuis 2016.



Photo du groupe IRPAS (octobre 2017)

RENCONTRES SCIENTIFIQUES

TUTORIEL DE CRISTALLOGRAPHIE MACROMOLÉCULAIRE - 08 AU 12 MARS 2021 - EPN CAMPUS

Ce tutoriel traitera les aspects fondamentaux de la cristallographie à travers des sessions théoriques (22h de cours magistraux et de résolution de problèmes) et 3 sessions pratiques d'études de cas de 2h chacune, ainsi que 2h de collecte de données sur une ligne synchrotron. Le tutoriel sera donné en anglais.

Le tutoriel (limité à 20 participants) s'adresse en premier lieu aux étudiants de l'Université Grenoble-Alpes et du campus de l'EPN qui ont une priorité d'inscription. Le tutorat compte pour 3 crédits ECTS nécessaires à l'Ecole doctorale de l'UGA.

Le tutoriel est également ouvert aux post-docs et au personnel des partenaires de l'EPN/PSB.

Inscription auprès de wim.burmeister@ibs.fr, en indiquant :

- Le nombre d'année de thèse
- L'institut, le groupe et le nom de votre directeur de thèse

COURS OUVERT A TOUS - 12 MARS 2021

Thomas Zemb de l'Institut de Chimie Séparative de Marcoule donnera, le 12 mars après-midi, un cours intitulé « Tentative intuitive answers, without equations, to maieutic reciprocal questioning about viruses and colloids ». Sous réserve que cela puisse se dérouler en présentiel, ce cours fera suite à un séminaire à 11h intitulé « Nanoscience approach to SARS-COV-II inerting via polymers and colloids ».

SOUTENANCES

- Mardi 19 janvier à 13h30, soutenance de thèse de Amélie Donchet (IBS/VRM), intitulée « Interaction between the influenza replication machineries and the nuclear import system »,
- Mardi 19 janvier à 14h en salle 421A du bâtiment C5 du CEA, soutenance de thèse de Anna Seck (IBS/VIC & SyMMES/CIBEST), intitulée « Nucleotide Excision Repair: New Approaches to investigate its exceptionally broad substrate specificity »,
- Vendredi 22 janvier à 14h, soutenance HDR de Sigrid Milles (IBS/FDP), intitulée « Integrating nuclear magnetic resonance and single molecule fluorescence spectroscopy for studying intrinsically disordered proteins ».

Retrouvez les liens pour suivre ces visioconférences sur www.ibs.fr/seminaires-et-evenements/seminaires-soutenances-et-cours/.

ANIMATION DES AXES

Les séminaires internes sont actuellement organisés en visioconférence. Au programme des mois de janvier et février :

- séminaire Faits Marquants le 11 janvier présenté par Matthew Jessop (IBS/MICA) et Kirill Kovalev (IBS/MEMBRANE),
- séminaire Chef de groupe le 18 janvier présenté par Ina Attrée (IBS/PB&RC),

- séminaire Faits Marquants le 1er février présenté par Iva Sužec (IBS/NMR) et Jean-Luc Pellequer (IBS/MEM),
- séminaire Chef de groupe le 22 février présenté par Yvain Nicolet (IBS/METALLO)

Le programme 2021 est disponible sur <https://plone.ibs.fr/science/axes>.

Les responsables d'axes seront renouvelés au printemps 2021. Les bureaux des axes seront chargés de proposer de nouveaux responsables.

NOUVEAUX INSTRUMENTS

La plateforme de biophysique évolue et vous propose l'accès à une nouvelle technologie : le Refeyn MP One (Mass Photometer One) :

Cofinancé par les différents instituts partenaires du PSB, le MP One utilise la photométrie de masse pour mesurer la masse de molécules en solution, dans leur état natif et sans marquage préalable. Les mesures, relativement rapides, vous permettront de déterminer la distribution de masse de vos échantillons afin d'évaluer la formation de complexes, les états de multimérisation, la stabilité de votre échantillon ou la présence de dégradations et/ou d'agrégats [1].

L'un des avantages de cet instrument est la faible quantité d'échantillon nécessaire. En effet, quelques microlitres à une concentration de 1 μ M à 100 nM sont suffisants. Cela s'avère particulièrement utile pour l'optimisation et le contrôle qualité rapide de vos échantillons avant des expériences de cryo-EM [2], mais également pour évaluer l'homogénéité de vos échantillons destinés à des études biochimiques. Le photomètre de masse est installé à l'EMBL, dans la salle 152, et est maintenant accessible à tous les partenaires du PSB pour un faible tarif (couvrant les frais des consommables).

La plateforme propose un service de mise à disposition, c'est à dire que vous travaillez en toute autonomie après une formation à l'utilisation de l'instrument, à l'acquisition et à l'analyse des données. Le personnel de la plateforme reste disponible pour vous assister dans la mise au point expérimentale et l'analyse des données. Suivant son implication dans vos projets, une collaboration peut aussi être envisagée.

Les nouveaux utilisateurs sont invités à contacter Caroline Mas (caroline.mas@ibs.fr).

Plus d'informations sont disponibles sur le site de l'ISBG :

<https://www.isbg.fr/biophysics-characterisation/mass-photometer-one>

[1] Young et al. (2018) Science 360, 423–427

[2] Sonn-Segev et al. (2020) Nat Commun 11, 1772



DISTINCTIONS



Pascal Poignard parmi les chercheurs les plus cités au monde

Pascal Poignard, responsable du Groupe Complément, anticorps et maladies infectieuses et Professeur des universités-praticien hospitalier (CHUGA & UGA), figure sur la liste 2020 des 6 200 chercheurs les plus cités dans le monde (sur environ 9 millions) pour la catégorie « Microbiologie ». Chaque année, la société d'édition Clarivate

Analytics analyse les articles scientifiques couvrant 21 champs disciplinaires, publiés au cours des dix dernières années dans des revues internationales et édite cette liste de chercheurs qui se sont distingués en publiant un grand nombre d'articles qui se classent parmi les 1% les plus cités dans leurs domaines respectifs.

Les travaux de l'équipe de Pascal Poignard se concentrent sur l'étude des réponses des anticorps neutralisants à large spectre (AcLS) telles qu'elles se développent chez de rares individus infectés par le VIH. La compréhension de la coévolution virus-anticorps qui amène à la sélection d'AcLS devrait permettre la conception d'immunogènes efficaces ainsi que la mise au point de nouvelles stratégies de vaccination pour prévenir l'infection par le VIH ou comme traitement.

A NOTER

Nous sommes fiers d'annoncer qu'Andrea Carfi, actuel vice-président et directeur de la recherche sur les maladies infectieuses chez Moderna (société qui développe le vaccin à ARNm contre la COVID-19), est un ancien doctorant de l'IBS.

Après avoir obtenu un doctorat à l'IBS en 1997 sous la direction d'Otto Dideberg (désormais retraité), Andrea Carfi a effectué un post-doctorat dans le groupe du professeur Don Wiley à l'hôpital pour enfants de Boston (Université de Harvard), croisant ainsi le chemin de l'actuel directeur de l'IBS, le professeur Winfried Weissenhorn. Andrea Carfi s'est ensuite tourné vers l'industrie, en rejoignant Merck en 2002. Il est retourné aux États-Unis en 2010 en tant que cadre supérieur, d'abord chez Novartis Vaccines, puis chez GSK Vaccins et enfin chez Moderna en 2017. Il est un des auteurs correspondant sur la publication qui décrit le vaccin à ARNm COVID-19 de Moderna, dont l'utilisation a récemment été approuvée par l'Agence européenne des médicaments. Ce vaccin est utilisé en France contre la Covid 19 depuis le 11 janvier 2021.

SARS-CoV-2 mRNA vaccine design enabled by prototype pathogen preparedness. Corbett, K. S., et al. (2020). *Nature*; 586(7830):567-571.