

SOMMAIRE

ZOOMS SCIENTIFIQUESp. 2

• Grande diversité fonctionnelle de régulateurs au sein d'une même espèce bactérienne

• L'incroyable résistance des tardigrades aux stress environnementaux

• Une technique novatrice pour décrire les protéines intrinsèquement désordonnées

PUBLICATIONSp. 3

CONTRATS OBTENUS PAR L'IBSp. 4

VALORISATIONp. 4

RENCONTRES SCIENTIFIQUESp. 4

SOUTENANCES.....p. 5

LABO MÉDICAL DE RÉFÉRENCEp. 5

OUVERTURE DE LA LIGNE FIP2p. 5

30 ANS AU SERVICE DES MÉTALLOPROTÉINESp. 6

ANNÉE DE LA BIOLOGIEp. 6

NOMINATIONSp. 6



Nouvelle ligne de lumière FIP2 à l'ESRF : cabine d'expérience avec détecteur, diffractomètre, bras robot chargeur d'échantillons et dewar de stockage © C. Berzin (IBS/CEA-CNRS-UGA)

EDITO

Ce numéro de fin d'année démontre une nouvelle fois la qualité de nos recherches illustrées par nos nombreuses publications, l'excellent taux de réussite aux programmes ANR 2021, des médailles du CNRS et la diversité des actions menées par l'IBS telles que la réouverture de la ligne de lumière FIP2, la valorisation de nos recherches et la diffusion de la culture scientifique. Communiquer sur nos activités est primordial, tant auprès de la communauté scientifique que du grand public, et il est important de se saisir des moyens aussi diversifiés que cette lettre, notre site web, les réseaux sociaux, les congrès, HAL ou les actions de vulgarisation pour les faire connaître. Les formats de médiation renouvelés et conviviaux mis en place pour le 30ème anniversaire de la Fête de la Science, comme les actions organisées pour le 30ème anniversaire de l'IBS en 2022, sont rendus possibles grâce à l'implication de volontaires. Qu'ils soient chaleureusement remerciés pour l'investissement dont ils font preuve, qui concourt au rayonnement de l'ensemble de notre communauté.

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

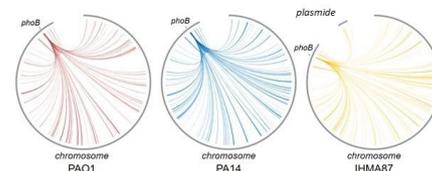
P. Amara, A. Dessen, S. Elsen, F. Fieschi, F. Frachet, B. Franzetti, I. Gutsche, M. Jamin, H. Lortat-Jacob, S. Milles, C. Morlot, E. Neumann, H. Nury, C. Petosa, P. Pognard, A. Royant, J.P. Simorre, N. Thielens, M. Vivadou, M. Weik, W. Weissenhorn

M. Blackledge, S. Elsen, S. Milles

ZOOM SUR...

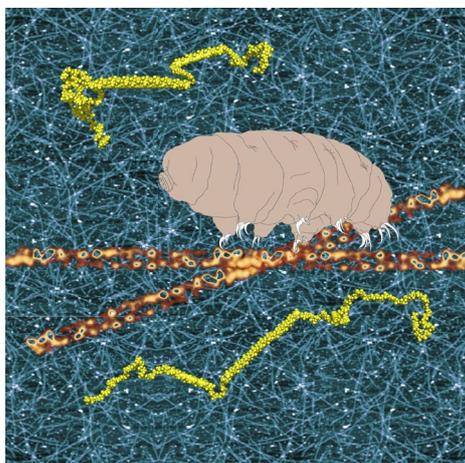
LA GRANDE DIVERSITÉ FONCTIONNELLE DE RÉGULATEURS AU SEIN D'UNE MÊME ESPÈCE BACTÉRIENNE

Les bactéries se développent dans des environnements très variés et en constante évolution. Pour survivre et adapter leur physiologie, elles utilisent des réseaux de régulation très complexes comprenant des senseurs qui perçoivent les modifications physico-chimiques et des régulateurs qui orchestrent l'expression des gènes. Les systèmes à deux-composants (TCSs) jouent un rôle clef dans cette adaptation, grâce à une histidine kinase (HK) qui détecte le signal et active un régulateur de réponse (RR) par phosphorylation. Les TCSs sont particulièrement nombreux chez la bactérie *Pseudomonas aeruginosa* (*Pa*) et participent grandement à sa résistance aux antibiotiques et à sa virulence. En collaboration avec les plateformes RoBioMol et Cell-free de l'IBS, l'équipe PB&RC a utilisé la technique DNA Affinity Purification-Sequencing « DAP-seq » pour déterminer *in vitro* l'ensemble des sites de liaison à l'ADN des 55 RRs identifiés chez *Pa* sur les génomes de 3 souches différentes représentant les principaux groupes phylogénétiques de l'espèce. Cette étude fournit la première délimitation complète du réseau complexe de régulation des TCSs chez *Pa*. La comparaison entre les souches montre que la moitié des cibles détectées ne sont spécifiques qu'à une ou deux des souches testées. Ce travail représente la plus grande étude de ce type à ce jour et fournit une base de données exhaustive qui représente aujourd'hui un outil précieux pour la communauté scientifique dans la lutte contre ce pathogène.



Différences d'emplacements des cibles des régulateurs sur les génomes circulaires des trois souches : exemple de PhoB

Determination of the two-component systems regulatory network reveals core and accessory regulations across *Pseudomonas aeruginosa* lineages. Trouillon J, Imbert L, Villard AM, Vernet T, Attrée I, Elsen S. 2021. *Nucleic Acids Research* 2021; 49(20):11476-11490.



L'INCROYABLE RÉSISTANCE DES TARDIGRADES AUX STRESS ENVIRONNEMENTAUX

Malgré leur espérance de vie de 1 à 3 ans, les tardigrades sont des micro-animaux aquatiques remarquables par leur capacité à survivre pendant de très longues périodes à des conditions de stress aussi diverses et létales que des températures et pressions extrêmes, la dessiccation ou même l'irradiation. Les mécanismes moléculaires leur conférant cette résistance unique aux conditions extrêmes restaient jusqu'alors inconnus en dépit de l'intérêt vieux de plusieurs siècles que les tardigrades ont pu susciter.

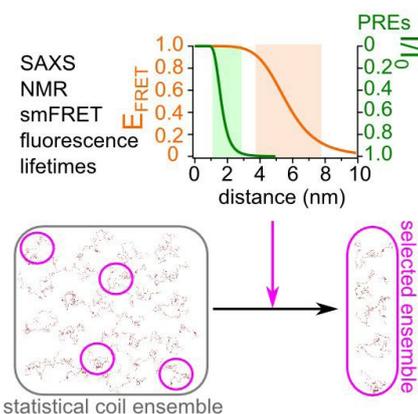
Les chercheurs du groupe Flexibilité et Dynamique des Protéines par RMN ont combiné la résonance magnétique nucléaire, la microscopie à force atomique et des techniques de diffraction de la lumière et des rayons-x, pour caractériser le comportement conformationnel et physique d'une protéine intrinsèquement désordonnée, unique aux tardigrades, qui joue un rôle essentiel dans cette réponse au stress environnemental. Ils ont pu déterminer à l'échelle atomique que cette protéine présente des bras désordonnés et hautement flexibles entourant un long domaine hélicoïdal central dont le comportement est hautement dépendant de la température. Cette protéine, hautement flexible et dynamique dans les conditions ambiantes, se transforme en conditions de stress pour former des fibres, lesquelles forment

à leur tour un hydrogel. Les chercheurs ont pu séquestrer d'autres protéines à l'intérieur de ce gel formé par la protéine de tardigrade et ont démontré qu'elles y conservaient leur comportement conformationnel. Le mécanisme exact par lequel la formation de tels gels protège l'organisme reste encore inconnu, mais il est possible que la formation d'une telle matrice intracellulaire permette le maintien des biomolécules dans leur état fonctionnel. Cette transformation du milieu cellulaire, parfaitement réversible lors de la disparition du stress, permet de mieux comprendre la capacité unique des tardigrades à survivre des conditions autrement fatales pour la vie.

Intrinsically Disordered Tardigrade Proteins Self-Assemble into Fibrous Gels in Response to Environmental Stress. Malki A, Teulon JM, Camacho-Zarco AR, Chen SW, Adamski W, Maurin D, Salvi N, Pellequer JL, Blackledge M. *Angewandte Chemie International Edition* 2021; doi: 10.1002/anie.202109961

UNE TECHNIQUE NOVATRICE COMBINANT FRET À MOLÉCULES UNIQUES, RMN ET SAXS POUR DÉCRIRE LES PROTÉINES INTRINSÈQUEMENT DÉSORDONNÉES

Les protéines intrinsèquement désordonnées (PID) ne possèdent pas de structure tridimensionnelle stable et bien définie. Elles sont extrêmement dynamiques, et cette propriété leur permet d'exercer leurs fonctions en se liant aisément et efficacement à toute une diversité de partenaires. A défaut de pouvoir leur attribuer une unique structure, les PIDs doivent être décrites en terme d'ensembles de conformations, reflétant un paysage conformationnel propre à chacune. Classiquement, obtenir ces ensembles nécessitait l'emploi de la résonance magnétique nucléaire (RMN) ainsi que de la diffraction des rayons X aux petits angles (SAXS). Toutefois, une description des interactions spécifiques à longues-distances faisait encore défaut au spectre des capacités de la RMN et du SAXS, et donc aux calculs d'ensembles conformationnels. Des chercheurs du groupe FDP de l'IBS proposent maintenant une combinaison de la RMN et du SAXS avec la fluorescence à molécules uniques, notamment le FRET (Transfert d'énergie de résonance de Förster), qui fournit avec haute précision des distances allant jusqu'à 10nm. Ils ont pu démontrer que les ensembles conformationnels obtenus par cette méthode étaient prédictifs, reproduisant des ensembles indépendants non-inclus dans le calcul initial. Cette approche multidisciplinaire ouvre à présent de nouvelles perspectives quant à la description quantitative des PIDs.



Quantitative description of intrinsically disordered proteins using single-molecule FRET, NMR and SAXS. Naudi-Fabra S, Tengo M, Jensen MR, Blackledge M, Milles S. *Journal of the American Chemical Society* 2021; https://doi.org/10.1021/jacs.1c06264

PUBLICATIONS

Les dernières publications en date sont les suivantes :

◇ Publications
Assembly of The Mitochondrial Complex I Assembly Complex Suggests a Regulatory Role for DeFlavination.

Giachin G, Jessop M, Bouverot R, Acajjaoui S, Saïdi 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, Soler-Lopez M. *Angewandte Chemie International Edition* 2021; 60(9):4689-4697.

Assessment of Prediction Methods for Protein Structures Determined by NMR in CASP14: Impact of AlphaFold2.

Huang YJ, Zhang N, Bersch B, Fidelis K, Inouye M, Ishida Y, Kryshtafovych A, Kobayashi N, Kuroda Y, Liu G, LiWang A, Swapna GVT, Wu N, Yamazaki T, Montelione GT. *Proteins* 2021; 1959-1976.

Biochemical, structural and dynamical studies reveal strong differences in the thermal-dependent allosteric behavior of two extremophilic lactate dehydrogenases. Iorio A, Roche J, Engilberge S, Coquelle N, Girard E, Sterpone F, Madern D. *Journal of Structural Biology* 2021; 213(3):107769.

Clinical, functional and genetic characterization of 16 patients suffering from chronic granulomatous disease variants - identification of 11 novel mutations in CYBB.

Mollin M, Beaumel S, Vigne B, Brault J, Roux-Buisson N, Rendu J, Barlogis V, Catho G, Dumeril C, Fouyssac F, Monnier D, Gandemer V, Revest M, Brion J-P, Bost-Bru C, Jeziorski E, Eitenschenck L, Jarrasse C, Drillon Haus S, Houachée-Charadin M, Hancart M, Michel G, Bertrand Y, Plantaz D, Kelecic J, Traberg R, Kainulainen L, Fauré J, Fieschi F, Stasia MJ. *Clinical & Experimental Immunology* 2021; 203(2):247-266.

Complement alternative and mannose-binding lectin pathways activation is associated with COVID-19 mortality.

Defendi F, Leroy C, Epaulard O, Clavarino G, Vilotitch A, Le Marechal M, Jacob M-C, Raskovalova T, Pernollet M, Le Gouellec A, Bosson J-L, Poignard P, Roustit M, Thielens N, Dumestre-Pérard C, Cesbron J-Y. *Frontiers in Immunology* 2021; 12:742446.

Enthalpy-Entropy Compensation in the Promiscuous Interaction of an Intrinsically Disordered Protein with Homologous Protein Partners.

Kragelj J, Orand T, Delaforge E, Tengo L, Blackledge M, Palencia A, Ringkjøbing Jensen M. *Biomolecules* 2021;11(8):1204.

ExIA Pore-Forming Toxin: Localization at the Bacterial Membrane, Regulation of Secretion by Cyclic-Di-GMP, and Detection *In Vivo*.

Deruelle V, Berry A, Bouillot S, Job V, Maillard AP, Elsen S, Huber P. *Toxins (Basel)* 2021;13(9):645.

Glucose-Based Fluorinated Surfactants as Additives for the Crystallization of Membrane Proteins: Synthesis and Preliminary Physical-Chemical and Biochemical Characterization.

Wehbie M, Bouchemal I, Deletraz A, Pebay-Peyroula E, Breyton C, Ebel C, Durand G. *ACS Omega* 2021; 6(38):24397-24406.

Headless C1q: a new molecular tool to decipher its collagen-like functions. Fouët G, Bally I, Signor L, Häußermann K, Thielens NM, Rossi V, Gaboriaud C. *FEBS Journal* 2021; 288(6):2030-2041.

Hematologically important mutations: The autosomal forms of chronic granulomatous disease (third update).

Roos D, van Leeuwen K, Hsu AP, Priel DL, Begtrup A, Brandon R, Rawat A, Vignesh P, Madkaikar M, Stasia MJ, Bakri FG, de Boer M, Roesler J, Köker N, Köker MY, Jakobsen M, Bustamante J, Garcia-Morato MB, Shephard JLV, Cagdas D, Tezcan I, Sherkat R, Mortaz E, Fayezi A, Shahrooei M, Wolach B, Blancas-Galicia L, Kanegane H, Kawai T, Condino-Neto A, Vihinen M, Zerbe CS, Holland SM, Malech HL, Gallin JI, Kuhns DB. *Blood Cells, Molecules and Diseases* 2021; 92:102596.

Hybrid Amyloid-Based Redox Hydrogel for Bioelectrocatalytic H₂ Oxidation.

Duraffourg N, Leprince M, Crouzy S, Hamelin O, Usson Y, Signor L, Cavazza C, Forge V, Albertin L. *Angewandte Chemie International Edition* 2021; 60(26):14488-14497.

Hydrogen Peroxide Affects Growth of *S. aureus* Through Downregulation of Genes Involved in Pyrimidine Biosynthesis.

Buvelot H, Roth M, Jaquet V, Lozkhin A, Renzoni A, Bonetti EJ, Gaia N, Laumay F, Mollin M, Stasia MJ, Schrenzel J, François P, Krause KH. *Frontiers in Immunology* 2021; 12:673985.

Insights into the ligand binding specificity of SREC-II (scavenger receptor expressed by endothelial cells).

Wicker-Planquart C, Tacnet-Delorme P, Preisser L, Dufour S, Delneste Y, Housset D, Frachet P, Thielens NM. *FEBS Open Bio* 2021; 11:2693–2704.

Phylogenetics and biochemistry elucidate the evolutionary link between l-malate and l-lactate dehydrogenases and disclose an intermediate group of sequences with mix functional properties.

Brochier-Armanet C, Madern D. *Biochimie* 2021; 191:140-153.

Regulation of fractone heparan sulfate composition in young and aged subventricular zone neurogenic niches.

Kerever A, Nagahara F, Keino-Masu K, Masu M, van Kuppevelt TH, Vivès RR, Arikawa-Hirasawa E. *Glycobiology* 2021; cwab081.

Soluble FAS ligand enhances suboptimal CD40L/IL-21-mediated human memory B cell differentiation into antibody-secreting cells.

van Asten SD, Unger P-P, Marsman C, Bliss S, Jorritsma T, Thielens NM, van Ham SM, Spaapen RM. *Journal of Immunology* 2021; 207:449-458.

CONTRATS OBTENUS PAR L'IBS COURANT 2020
◇ ANR 2021

La liste des ANR (déjà diffusée dans les précédents numéros de 2021) est consultable sur <https://www.ibs.fr/recherche/contrats/>. En outre est venue récemment s'ajouter :

ANR générique PRCI

- projet ALLOSPACE (Au coeur de l'allostérie : un voyage à travers l'espace des séquences et conformations des enzymes), coordonnateur français : D. Madern (groupe ELMA), coordonnateur autrichien : P. Schanda (IST Austria).

◇ Autres financements

INCA projets libres de recherche «Biologie et Sciences du Cancer » : Le projet « Complément et cancer rénal : facteur pathogénique et impact pronostique » a été sélectionné pour financement par l'INCA. Coordonné par l'équipe «Complement and diseases» au Centre de Recherche des Cordeliers à Paris, ce projet associera aussi l'équipe CIRDis de Christine Gaboriaud dans le groupe CAID. Ayant montré récemment que la surexpression simultanée de gènes du complément confère un mauvais pronostic pour le carcinome rénal à cellules claires (ccRCC), via un mécanisme moléculaire encore inconnu, les deux équipes vont tenter de le déchiffrer et d'identifier de nouveaux biomarqueurs et cibles thérapeutiques potentielles.

VALORISATION
UNE TECHNOLOGIE VACCINALE UNIVERSELLE CONTRE LES VIRUS ÉMERGENTS INCLUANT LE SARS-COV-2 DÉVELOPPÉE À L'IBS

L'équipe 'Adénovirus', dirigée par Pascal Fender au sein du groupe Microscopie Electronique & Méthodes, a découvert une particule protéique pseudo-virale non infectieuse mimant l'adénovirus (un virus qui infecte de nombreuses espèces animales ainsi que l'homme) : l'ADDomerTM. En 2016, en collaboration avec l'EMBL de Grenoble, les chercheurs ont modifié cette particule pour exposer des épitopes de virus émergents menant à la création d'une nouvelle plateforme vaccinale. Après le dépôt d'un brevet CNRS/EMBL en 2017, les résultats ont été publiés dans Science Advances en 2019 (Vragliau et al., 2019). En 2021, la société britannique Imphoron vient d'acheter une licence de ce brevet et une levée de fond de 4,7M€ vient d'être réalisée pour effectuer des tests précliniques et permettre de tester des vaccins contre trois virus : le virus respiratoire syncytial, le chikungunya et le SARS-Cov2. Ces essais valideront plus généralement l'ADDomer comme plateforme de développement de futurs vaccins.

RENCONTRES SCIENTIFIQUES
FÊTE DE LA SCIENCE 2021 À L'IBS

Pour la 30ème édition de la fête de la science, l'IBS a proposé des opérations dans deux écoles primaires (ateliers) et deux lycées de l'agglomération grenobloise (rencontres), ainsi que quatre visioconférences pour des lycées éloignés. Ces actions ont permis de toucher 380 élèves et des communes aussi variées qu'Annecy, Grenoble, Meylan, Montélimar, Saint-Egrève, Villard Bonnot et Villefranche sur Saône. Le grand public n'a pas été oublié non plus.

Vous n'avez pas eu le temps de participer mais souhaiteriez jeter un coup d'oeil ou partager des informations avec vos proches ? Retrouvez sur la chaîne Youtube IBS Grenoble (playlist « Diffusion de la culture scientifique ») la vidéo 2021 retraçant l'échange avec les lycéens au sujet des métiers de la Recherche, ainsi que la conférence grand public « Apéro Science » IBS/ILL sur les mécanismes moléculaires des maladies neurodégénératives.

Enfin il est possible de consulter la chronique radiophonique de France Bleu Isère « Communion et efficacité en temps de pandémie » sur : <https://www.echosciences-grenoble.fr/communautes/fete-de-la-science-en-isere/articles/l-emotion-de-la-decouverte-chroniques-radiophoniques>.

RETOUR SUR LE MICROWORKSHOP ULTRASCAN ISBG IBS - DU 6 AU 8 OCT 2021 À L'IBS

Ce workshop (animé par Borries Demeler, University Lethbridge, Canada) a permis à quatre scientifiques de l'IBS de se former à l'analyse de données d'Ultracentrifugation Analytique avec le logiciel Ultrascan.

RAPPEL : COURSPRATIQUE EMBO « CARACTÉRISATION DE COMPLEXES MACROMOLÉCULAIRES PAR BIOLOGIE STRUCTURALE INTÉGRATIVE » - DU 28 MAI AU 04 JUIN 2022 - CAMPUS EPN

Inscriptions avant le 31 janvier pour ce cours pratique EMBO, organisé par le PSB, qui vise à enseigner aux participants comment intégrer différentes approches de biologie structurale pour accélérer la caractérisation des grands complexes macromoléculaires de l'échelle atomique à l'échelle cellulaire. Des conférences et des sessions pratiques expliqueront les techniques utilisées pour produire, purifier, reconstituer et caractériser des protéines multi-sous-unités et des complexes protéine/acide nucléique pour l'analyse structurale. En savoir plus : <https://meetings.embo.org/event/21-macromolecular-complexes>

30 ANS AU SERVICE DE LA BIOLOGIE STRUCTURALE DÉDIÉE AUX MÉTALLOPROTÉINES - 22 JUILLET 2022 - IBS

Le groupe Métalloprotéines est heureux d'annoncer l'organisation d'un symposium, satellite du 16ème congrès EUROBIC, organisé en l'honneur du départ à la retraite de Juan C. Fontecilla-Camps. Ce sera une occasion unique d'avoir un aperçu sur la contribution de la biologie structurale à la compréhension du mécanisme des métalloprotéines clés. La participation à ce symposium est gratuite. Pour des raisons de logistique et de capacité de la salle, une inscription est nécessaire sur <https://www.ibs.fr/research/research-groups/metalloproteins-group/symposium2022/>.

SOUTENANCES

- **Mercredi 08 décembre à 14h, soutenance de thèse de Ricarda Toerner (IBS/NMR)**, intitulée « Investigation of IAPP fibrillation inhibition by co-chaperonin prefoldin » ;
- **Vendredi 21 janvier à 14h, soutenance de thèse de Lorenzo Carré (IBS/ELMA)**, intitulée « Limites moléculaires de la vie en conditions extraterrestres : biosystèmes extrémophiles sous haute pression et haute salinité ».

LABORATOIRE DE BIOLOGIE MÉDICALE DE RÉFÉRENCE NATIONAL

Le Centre diagnostic et Recherche sur la Granulomatose septique chronique (CGD) du CHU Grenoble Alpes, dont Marie José Stasia (IBS/M&P) est responsable, vient d'être labellisé Laboratoire de Biologie Médicale de Référence (LBMR) national pour le diagnostic de cette maladie (phénotype et génotype). Grâce à ce centre et à des projets de recherche clinique qui y sont développés, des lignées de cellules souches pluripotentes induites (se différenciant en cellules phagocytaires) ont été établies à partir de biopsies de peau de malades atteints de CGD. Cela permet à l'équipe d'avoir un modèle cellulaire de la maladie CGD pour tester une nouvelle approche thérapeutique, la thérapie protéique développée à l'IBS (projet de doctorat de Perrine Rochas).

OUVERTURE DE LA LIGNE FIP2

La ligne de lumière FIP2 a officiellement ouvert le 1er octobre dernier en accueillant son premier utilisateur, le Dr. Peter Naniima du Laboratoire Information Génomique et Structurale (IGS) de Marseille (UMR 7256 Université Aix-Marseille – CNRS).

FIP2 est l'héritière de la ligne FIP, dont les éléments optiques et l'essentiel de la table expérimentale ont été déplacés depuis le port BM30 vers le port BM07 à l'occasion du programme de modernisation EBS de la source ESRF. Le faisceau de rayons X est désormais produit par un wiggler à deux pôles, et donne environ 10 fois plus de photons que sur FIP, avec un faisceau qui a toujours un profil rectangulaire, et dont la taille peut être ajustée entre $50 \times 50 \mu\text{m}^2$ et $200 \times 200 \mu\text{m}^2$. L'énergie des rayons X peut être ajustée entre 7 et 17 keV. La ligne est désormais équipée d'un détecteur de rayons X Dectris (modèle Pilatus 2 6M) qui permet des collectes de données en 2 à 3 minutes. Le robot chargeur d'échantillons utilise des paniers du type SPINE-SC3, et pourra bientôt passer des plaques de cristallisation pour des collectes *in situ* à température ambiante. L'acquisition des données expérimentales est désormais réalisée à travers le logiciel MXCuBE3, et la gestion des échantillons et de l'analyse automatisée des données peut se faire via ISPyB.

La ligne a été reconstruite sous la supervision de Jean-Luc Ferrer et Antoine Royant par Christophe Berzin, Philippe Jacquet, Eric Mathieu et Yoann Sallaz-Damaz, avec le soutien de Franck Borel, David Cobessi et Pascale Israel Gouy. Les développements de la ligne ces 5 prochaines années seront financés par un Investissement d'Avenir ESR/EquipEx+ accordé par l'ANR en 2021 au projet MAGNIFIX des 5 lignes CRG françaises de

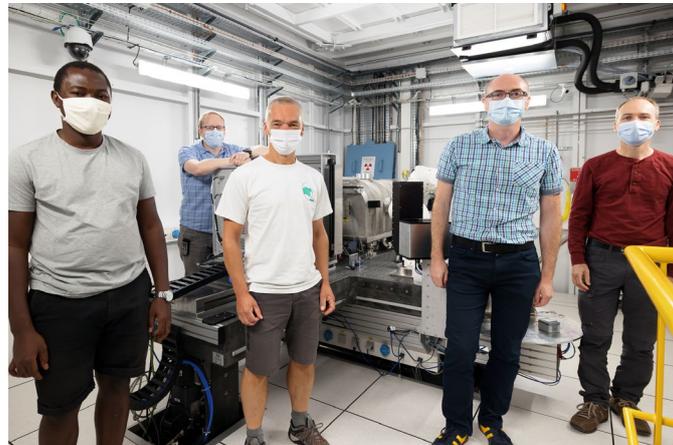
l'ESRF, dont 1,2 millions d'euros bénéficieront à FIP2. L'un des premiers projets envisagés est la refonte complète du système de chargement d'échantillon avec un dewar de grande capacité permettant l'utilisation d'Unipucks.



Intérieur de la cabane optique de la ligne de lumière FIP2 : enceintes du monochromateur (à gauche) et du premier miroir de focalisation (à droite)

Toute personne de l'IBS est la bienvenue pour tester ses cristaux sur la ligne ces prochains mois. Pour ce faire, rapprochez-vous du staff de la ligne pour convenir d'un créneau.

Ensuite, la ligne sera accessible régulièrement par le biais du BAG IBS de l'ESRF, ou par dépôt de projet individuel au comité d'attribution de temps de faisceau de SOLEIL.



Peter Naniima (utilisateur du Laboratoire IGS de Marseille), Y. Sallaz-Damaz, M. Hahn (responsable du groupe de liaison des lignes CRG à l'ESRF), A. Royant et E. Mathieu dans la cabane d'expérience de la ligne de lumière FIP2.



Poste de pilotage de l'expérience dans la cabane de contrôle de la ligne de lumière FIP2

30 ANS AU SERVICE DE LA BIOLOGIE STRUCTURALE DÉDIÉE AUX MÉTALLOPROTÉINES



Juan C. Fontecilla-Camps va faire valoir ses droits à la retraite au 1er janvier 2022. Juan a été recruté par le CEA en 1990 à Grenoble dans le cadre du programme Protéines 2000 ; il a démarré le laboratoire de cristallographie et cristallogénèse des protéines (LCCP) au Département d'Ingénierie et d'Etude des Protéines (DIEP, dont il était directeur adjoint).

Son laboratoire a ensuite rejoint l'IBS au moment de la création de l'institut dont il est membre fondateur et dont il a été directeur par intérim avec Pierre Vignais et Jean Gagnon après le décès de Jean-Pierre Ebel. A cette époque, l'objectif de l'IBS était d'offrir à la communauté française une structure regroupant les meilleurs spécialistes en biologie structurale. Avant son arrivée à Grenoble, Juan était directeur d'une unité de recherche associée au CNRS à Marseille où il avait résolu les structures cristallines de plusieurs protéines telles que des toxines animales et des lectines végétales. Grâce à ses liens avec les biochimistes de Marseille, Juan a pu, en attirant à l'IBS toute une équipe de jeunes ingénieurs-chercheurs, ingénieurs et techniciens de haut niveau, développer une recherche de pointe reconnue internationalement. Son groupe a travaillé sur l'immunologie structurale, les enzymes digestives ainsi que sur les métalloprotéines sensibles à l'oxygène. Pour ces dernières, il a fallu mettre au point et développer une des structures les plus performantes au monde pour l'expression, la purification et la cristallisation en anaérobiose. Le groupe a notamment résolu les structures cristallines des hydrogénases à NiFe et FeFe et le complexe monoxyde de carbone déshydrogénase / acétyl-coenzyme A synthase. C'est pour rendre hommage à sa contribution scientifique qu'un symposium aura lieu en son honneur le 22 Juillet 2022 à l'IBS, à l'occasion du congrès EUROBIK16. Nous lui souhaitons une retraite bien méritée et aussi fructueuse que sa carrière professionnelle. Nous le croiserons encore à l'IBS où il reviendra, à partir de 2022 en tant que conseiller scientifique auprès du CEA.

ANNÉE DE LA BIOLOGIE AU CNRS ET À L'IBS

Organisée par le CNRS et le Ministère de l'Éducation nationale, de la Jeunesse et des Sports, l'Année de la biologie 2021-2022 vise à rapprocher les mondes de l'enseignement et de la recherche pour mettre en lumière les grandes avancées et les enjeux de la recherche en biologie. L'objectif de cette opération est de permettre aux enseignants de mettre en perspective leurs savoirs en biologie au regard des dernières découvertes scientifiques et d'améliorer ainsi leur connaissance du monde de la recherche.

Dans ce but, la Délégation Alpes du CNRS organise deux journées de formation à destination d'une cinquantaine de professeurs du second degré, avec des conférences, des rencontres avec les scientifiques et des visites de laboratoire. Ils visiteront ainsi le 1er février l'IBS (25 personnes) et PCV (25 personnes), et le 10 février le campus santé (l'IAB et TIMC).

NOMINATIONS

Cédric Laguri nommé au Comité National du CNRS



Cédric Laguri (IBS/NMR) a été nommé au Comité National du CNRS dans la section 20. La mission principale des membres de section est l'évaluation : recrutements CR, DR, évaluation de l'activité des chercheurs, évaluation des dossiers des unités, des demandes d'école thématique, etc...

Frank Gabel à l'Editorial Board de *Biophysical Journal*



Frank Gabel (IBS/ELMA) a été nommé à l'Editorial Board de *Biophysical Journal* (Cell Press). Il prendra ses fonctions le 1er Janvier 2022 dans la section «Protéines», dirigée par l'editrice associée Prof. Elizabeth Rhoades. En tant qu'expert de la diffusion de neutrons et rayons X aux petits angles (SANS/SAXS), Frank s'occupera de la gestion des manuscrits soumis en biologie structurale utilisant ces techniques. *Biophysical Journal* (facteur d'impact 4.03) est un journal à comité de lecture international publiant des articles élucidant des mécanismes biologiques, chimiques ou physiques pour permettre la compréhension des problèmes biologiques fondamentaux aux niveaux moléculaire et cellulaire, ainsi qu'à l'échelle des organismes.

Remise des Médaille du CNRS pour deux lauréates IBS

La cérémonie de remise des médailles du CNRS de la délégation Alpes a eu lieu le 03 décembre au World Trade Center de Grenoble. L'IBS félicite ses lauréates : Andrea Dessen (médaille d'argent) et Hélène Malet (médaille de bronze).

