

5^e École de Biologie Structurale Intégrative



Du 1^{er} au 8 juin 2018



CAES La vieille Perrotine - Saint-Pierre d'Oléron

Programme

Vendredi 1^{er} juin

Arrivée depuis la gare de La Rochelle Ville en bus

Soirée : Présentation des étudiants et des formateurs

Samedi 2 juin

Matin : Clonage, expression, purification, analyse des séquences pour la biologie structurale

Après-midi : Technologies – État des lieux et développements

Soirée : Instrumentation : Sources et détecteurs de rayons X. Présent et futur

Dimanche 3 juin

Matin : Microscopie électronique – Aspects conceptuels

Après-midi : Microscopie électronique – Aspects pratiques

Soirée : Analyse des résultats des TP

Lundi 4 juin

Matin : Diffraction et diffusion des rayons X – Aspects conceptuels

Après-midi : Diffraction et diffusion des rayons X – Aspects pratiques

Soirée : TP Diffraction

Mardi 5 juin

Matin : Analyse des interactions moléculaires

Après-midi : libre et/ou activités diverses

Dîner Paëlla

Soirée : TP SAXS/TP BLI

Mercredi 6 juin

Matin : Résonance Magnétique Nucléaire – Aspects conceptuels

Après-midi : Résonance Magnétique Nucléaire – Aspects pratiques

Soirée : Quiz et discussion de quelques concepts RMN

Jeudi 7 juin

Matin : Approches complémentaires

Après-midi : Conférence intégrative

Soirée : Buffet dînatoire / Soirée dansante

Vendredi 8 juin

Matin : Départ vers la gare de La Rochelle en Bus

Sponsors et partenaires



Programme détaillé

Vendredi 1^{er} juin

17h30 : Bus depuis la gare de La Rochelle Ville (Trajet 1h15 vers La vieille Perrotine)

19h30 : Dîner

20h45 : Introduction et présentation générale - Jean Cavarelli (IGBMC, Strasbourg-Illkirch)

RéNaFoBis, FRISBI et autres infrastructures de recherche

21h15 : Présentation des étudiants et des formateurs

Samedi 2 juin

Matin : Clonage, expression, purification, analyse des séquences pour la biologie structurale

9h00 : Préparation et caractérisation de complexes multi-protéiques eucaryotes : Apports du système d'expression baculovirus et possibilités offertes par les techniques d'ingénierie du génome

Arnaud Poterszman (IGBMC, Strasbourg-Illkirch)

Les systèmes d'expression eucaryotes constituent une alternative à la production en bactérie lorsque des protéines ou complexes multi protéiques ne peuvent être obtenus sous forme soluble ou reconstitués in vitro à partir des constituants isolés. Au cours du premier volet de cette présentation, nous décrirons le système d'expression baculovirus. Nous discuterons des principales approches pour la reconstitution de complexes multi-protéiques et l'analyse d'interactions protéine-protéine. La seconde partie sera focalisée sur les possibilités offertes par les techniques d'ingénierie du génome pour étiqueter des gènes de cellules mammifères, permettant ainsi d'isoler plus facilement des complexes endogènes peu abondants et de les caractériser dans un contexte cellulaire.

10h30 : Pause

10h45 : Production de protéines en vue d'études structurales : Solubilité, stabilité et agrégation

Marc Ruff (IGBMC, Strasbourg-Illkirch)

L'étude des relations structure – fonction des mécanismes moléculaires nécessite la production et purification des molécules impliqués en conservant leur intégrité structurale et fonctionnelle. La purification de protéines isolées de leur environnement intracellulaire pour des études structurales et fonctionnelles est entravée par des rendements très faibles, une forte hétérogénéité, instabilité et faible solubilité. Les différents paramètres physico-chimiques impliqués ainsi que des procédures et méthodologies pour leur stabilisation, solubilisation et caractérisation seront décrites dans ce cours.

12h15 : Distribution des clés USB (et des consignes d'utilisation)

12h45 : Déjeuner

Après-midi : Technologies – État des lieux et développements

14h00 : Principes physiques à la base de l'information structurale

Dominique Housset (IBS, Grenoble)

Nous présenterons le plus simplement possible les principes physiques qui nous permettent d'obtenir les informations structurales à l'échelle atomique. En partant des limites de la microscopie optique, nous montrerons comment nous pouvons "voir" les atomes et modéliser les macromolécules biologiques, grâce aux ondes électromagnétiques (photons X, ...), aux électrons ou aux neutrons et aux différentes techniques qui les utilisent (diffraction des rayons X ou des neutrons, microscopie électronique, SAXS, ...).

Nous présenterons les interactions entre "rayonnement" et matière à la base de ces techniques pour mieux comprendre ce que l'on "voit", ainsi que quelques concepts et outils (transformée de Fourier, ...) qui permettent d'obtenir les modèles macromoléculaires.

15h30 : Principes physiques de la RMN structurale : de l'observable à la structure

Marc-André Delsuc (IGBMC, Strasbourg-Illkirch)

Nous présenterons les différentes observables RMN (déplacements chimiques, couplages, ...) et nous verrons comment celles-ci renseignent sur la structure et la dynamique de molécules en solution. Des exemples concrets illustreront les différents concepts abordés.

17h00 : Pause

17h30 : Initiation à Linux - Jean-Luc Ferrer (IBS, Grenoble)

18h00 : Outils bio-informatiques pour la biologie structurale

Claudine Mayer (Institut Pasteur, Paris)

Nous présenterons les outils de la bioinformatique disponibles sur le web (serveurs, algorithmes) permettant d'analyser les séquences en acides aminés de protéines, en particulier lors des étapes en amont d'études structurales. Nous présenterons également des outils de prédiction et d'analyse de structure.

19h45 : Dîner

21h00 : Instrumentation : Sources et détecteurs de rayons X. Présent et futur

Jean-Luc Ferrer (IBS, Grenoble)

Dimanche 3 juin

Matin : Microscopie électronique – Aspects conceptuels

9h00 : Introduction à la préparation d'échantillons et à la formation / détection d'images en microscopie électronique à transmission

Adeline Goulet (AFMB, Marseille)

Ce cours introduira les grands principes de la formation d'image en microscopie électronique à transmission (anatomie d'un microscope, contraste d'amplitude vs contraste de phase, ...) et les moyens de détections utilisés. Les méthodes de préparation d'échantillons pour la ME en particules uniques seront également abordées (coloration négative vs vitrification). Pour chacune de ces parties les progrès techniques et méthodologiques récents qui ont contribué à la « revolution in resolution » dans le domaine seront présentés.

9h50 : Introduction au traitement d'images

Leandro Estrozi (IBS, Grenoble)

Une introduction sur les aspects mathématiques et informatiques du traitement d'images en cryo microscopie électronique sera donnée avec pour but de présenter les concepts de base tels que : le rapport signal sur bruit, la transformée de Fourier, la restauration d'image, le théorème de la section centrale, la fonction de transfert de contraste et les filtres passe-bande et les effets de la présence de redondance (symétrie) dans les images.

10h40 : Pause

11h00 : Geometry of 3D models, Euler angles and 2D projections: Using 2D classification to make a 3D reconstruction from 2D projections

Otilie Loeffelholz von Colberg (IGBMC, Strasbourg-Illkirch)

Cryo-EM images are taken with low dose to prevent radiation damage. To obtain a good signal to noise ratio and eventually a 3D structure many particles need to be aligned, classified and averaged. The orientational relationship between the particles (angles) is determined and is used to generate a 3D structure from the cryo-EM particles.

11h50 : Comment obtenir une structure 3D initiale? Comment interpréter, valider et raffiner les cartes de cryo-ME?

Célia Plisson (LBME, Toulouse)

Les méthodes d'analyse d'images dites de « particules isolées » reposent sur la détermination de l'orientation relative de chacune des particules imagées. Pour ce faire, un grand nombre de programmes utilisent une structure 3D initiale de référence. Ce cours présentera d'abord les différentes méthodes permettant d'obtenir cette structure 3D initiale (méthode des lignes communes, stochastic gradient descent, tomographie électronique, random conical tilt). Ensuite seront abordées différentes techniques de validation et d'interprétation des cartes de cryo-MET (estimation de la résolution, affinement des cartes)

12h45 : Déjeuner

Après-midi : Microscopie électronique – Aspects pratiques

14h00 : Sélections des particules et estimation de CTF

Adeline Goulet (AFMB, Marseille), Célia Plisson (LBME, Toulouse)

14h50 : 2D classification and initial 3D structure generation

Leandro Estrozi (IBS, Grenoble), Otilie Loeffelholz von Colberg (IGBMC, Strasbourg-Illkirch)

15h40 : Pause

16h00 : Heterogeneity, 3D classification & refinement

Leandro Estrozi (IBS, Grenoble), Otilie Loeffelholz von Colberg (IGBMC, Strasbourg-Illkirch)

16h50 : Fitting & model building

Adeline Goulet (AFMB, Marseille), Otilie Loeffelholz von Colberg (IGBMC, Strasbourg-Illkirch)

19h30 : Dîner

21h00 Présentation sponsor : ThermoFisher Scientific

Hervé-William Rémiguy

21h15 : Analysis of TP results. Overview of the day

Lundi 4 juin

Matin : Diffraction et diffusion des rayons X – Aspects conceptuels

8h30 : Cristallisation et préparation des échantillons

Alain Roussel (AFMB, Marseille)

Avec 90% des structures déposées dans la PDB, la cristallographie est la méthode la plus productive pour obtenir des détails au niveau atomique. Le principal goulet d'étranglement reste l'étape de cristallisation. Après avoir rappelé les notions de base en cristallogénèse nous présenterons des solutions originales d'aide à la cristallisation. Une attention particulière sera également portée sur la préparation et la caractérisation des échantillons.

9h30: Acquisition de données/Stratégie

Laurent Maveyraud (IPBS, Toulouse)

10h30 : Pause

11h00 : Phasage/Affinement

Claudine Mayer (Institut Pasteur, Paris), Jean-Luc Ferrer (IBS, Grenoble)

Pour calculer la densité électronique, la connaissance des amplitudes et des phases des facteurs de structures est nécessaire. Seules les amplitudes peuvent être mesurées lors de l'expérience de diffraction. Ce cours présentera, dans un premier temps, les différentes méthodes expérimentales permettant de déterminer les phases : incorporation d'atomes lourds (SIR, MIR), utilisation de la diffusion anormale (SAD, MAD) ou combinaison de ces méthodes (SIRAS), utilisation d'une structure proche de la structure inconnue (remplacement moléculaire).

Nous présenterons ensuite l'amélioration des phases par des techniques de modification de densité (nivellement de solvant, utilisation des symétries non cristallographiques), le calcul de la densité électronique qui permettra de construire le premier modèle, puis les alternances d'affinement et de reconstruction du modèle, qui sera ensuite validé puis déposé dans la PDB.

12h30 : Déjeuner

Après-midi : Diffraction et diffusion des rayons X – Aspects pratiques

13h45 : SAXS

Aurélien Thureau (SOLEIL, Gif sur Yvette)

L'objectif de ce cours est de vous fournir rapidement les fondamentaux de l'analyse des données de SAXS. Le Guinier, la courbe Kratky et la fonction de corrélation des distances seront principalement discutés. Des aspects pratiques sur la conduite des mesures seront également intégrés au cours. La conclusion portera sur une comparaison entre les deux techniques X-ray que sont la cristallographie et le SAXS des macromolécules.

15h00 : Optimizing data quality with Hybrid Photon Counting detectors

Andreas Förster (Dectris)

How to obtain best data with PILATUS and EIGER: an introduction to explain the technological background behind the data collection methods. Practical considerations about multiplicity, low intensity and anomalous signal.

16h00 : Pause

16h30 : TP diffraction RX : des données vers la structure déposée à la PDB

Encadrants RX

19h30 : Dîner

20h45 : TP diffraction RX (suite et fin). QUIZ Cristallographique et questions ouvertes

Encadrants RX

Mardi 5 juin

Matin : Analyse des interactions moléculaires

8h30 : Approches complémentaires pour l'analyse des interactions moléculaires. Illustrations sur plusieurs systèmes biologiques

Alain Roussel (AFMB, Marseille)

Il existe de nombreuses méthodes d'investigation des interactions entre macromolécules. Chaque méthode a ses avantages et ses inconvénients. Nous proposons dans un premier temps de revoir les définitions de différents paramètres cinétique et thermodynamique. Dans un second temps nous regarderons comment les méthodes comme la « surface plasmon resonance (SPR), la « isothermal titration calorimetry » (ITC), la « bio-layer interferometry » (BLI) ou la « micro scale thermophoresis » (MST) permettent de déterminer certains de ces paramètres.

10h00 : Présentation sponsor

Pierre Soule (NanoTemper)

10h20 : Pause

10h40 : Présentation sponsor

Attila Aranyos (Pall-FortéBio)

11h00 : TP SAXS

Aurélien Thureau (SOLEIL, Gif-sur-Yvette), Dominique Housset (IBS, Grenoble)

TP BLI

Attila Aranyos (Pall-FortéBio), Vincent Delauzun et Alain Roussel (AFMB, Marseille)

12h45 : Déjeuner

Après-midi : libre et/ou activités diverses

Possibilité test d'échantillons BLI, NanoTemper Tycho NT.6

Pierre Soule (NanoTemper), Vincent Delauzun et Alain Roussel (AFMB, Marseille)

19h30 : Dîner paëlla

21h00 : TP SAXS / TP BLI (suite)

Mercredi 6 juin

Matin : Résonance Magnétique Nucléaire – Aspects conceptuels

9h00 : Introduction à la spectroscopie RMN biomoléculaire à l'état solide

Robert Schneider (Université de Lille)

La spectroscopie RMN à l'état solide est devenue une méthode de pointe pour analyser à haute résolution structure, dynamique et fonction des biomolécules. Elle n'est pas, en principe, limitée par la taille des molécules; elle peut accéder aux molécules insolubles et elle ne nécessite pas que les systèmes étudiés soient ordonnés à longue échelle. Ceci permet d'étudier, par exemple, les protéines membranaires dans une bicouche lipidique ou des grands assemblages comme les fibrilles amyloïdiques. Comme, dans un échantillon solide, il n'y a pas de rotation globale de molécules comme en solution, des interactions anisotropes sont présentes qui peuvent considérablement élargir les lignes spectrales, mais qui peuvent aussi être exploitées spectroscopiquement. Ce cours présentera les concepts propres à l'étude structurale des biomolécules par RMN à l'état solide. Nous illustrerons également la puissance de cette technique sur de nombreux exemples.

10h00 : Contributions de la RMN à la biologie structurale: Approches multi-échelles spatiales et temporelles

Nathalie Sibille (CBS, Montpellier)

Ce cours présentera les différentes manières par lesquelles la RMN donne accès aux aspects structuraux et dynamiques d'une protéine avec un regard particulier sur l'immense gamme de temps des mouvements couverte par cette technique. Ces aspects théoriques seront agrémentés d'exemples concrets d'application de ces concepts sur des exemples issus des laboratoires. L'accent sera mis sur le cas particulier des protéines intrinsèquement désordonnées (IDP) qui ont une dynamique et un comportement différents des protéines ayant une structure 3D bien définie.

11h00 : Pause

11h30 : Relaxation et phénomènes dynamiques

Carine van Heijenoort (ICSN, Gif-sur-Yvette)

12h00 : Instrumentations et derniers développements en liquide/solide

Robert Schneider (Université de Lille), Carine van Heijenoort (ICSN, Gif-sur-Yvette)

Ce cours présentera les derniers développements apparus ces dernières années en RMN. Nous évoquerons les progrès instrumentaux et conceptuels et de préparation d'échantillons. Nous reviendrons également sur des exemples marquants d'apport de la RMN en biologie structurale ou biologie au sens large.

12h45 : Déjeuner

Après-midi : Résonance Magnétique Nucléaire – Aspects pratiques

14h15 : TP / TD / Études de cas de RMN en phase liquide/solide

Les spectres 15N HSQC et de corrélation 13C/13C pour la caractérisation rapide et simple de la structure/dynamique de biomacromolécules

Encadrants RMN

16h00 : Pause

16h15 : TP / TD / Études de cas de RMN en phase liquide/solide (suite)

Encadrants RMN

19h30 : Dîner

21h00 : Quiz et discussion de quelques concepts RMN

Encadrants RMN

Jeudi 7 juin

Matin : Approches complémentaires

9h00 : Spectrométrie de masse, principes et approches structurales

Marc-André Delsuc (IGBMC, Strasbourg-Illkirch)

La spectrométrie de masse a toujours été un outil analytique incontournable pour caractériser les molécules, vérifier leur intégrité et leur pureté, et pour caractériser un mélange de protéines (protéomique) ou de métabolites (métabonomique). Grâce à la montée en puissance des instruments, et la possibilité d'étudier de grands objets biologiques en conditions natives, elle est aussi utilisée de plus en plus comme un moyen d'étude de structure.

Dans ce cours, nous verrons dans un premiers temps les principes de la mesure en spectrométrie de masse: différents modes de mesure, différents modes d'ionisation, spectrométrie en tandem, etc. Et nous apprendrons à lire les spectres obtenus. Dans un deuxième temps, les différentes stratégies pour les études structurales seront présentées: échange proton-deutérium, cross-link, MS-MS pour l'étude de surface ou l'étude des différentes protéoformes, étude d'équilibre, criblage et mesure d'interactions, etc...

Un rapide coup d'œil aux développements récents (2D-MS) sera même proposé.

10:30 : Pause

11h00 : Autres méthodes et intégration des données d'origines différentes

Arnaud Poterszman (IGBMC, Strasbourg-Illkirch)

L'objectif de ce cours est d'aborder les approches intégratives permettant de combiner des données expérimentales et théoriques hétérogènes afin de modéliser des systèmes complexes et proposer des modèles d'architecture. Nous fournirons une vue d'ensemble des principales approches biochimiques et biophysiques utilisées pour la caractérisation des complexes macromoléculaires et d'illustrer les apports des approches intégratives. Nous insisterons sur la complémentarité des techniques expérimentales, certaines déjà présentées pendant l'école et d'autres, comme l'ultracentrifugation analytique ou le transfert de fluorescence (Förster Resonance Energy Transfer) qui seront introduites. Des exemples illustrant l'intérêt des approches intégratives seront présentés.

12h45 : Déjeuner

Après-midi:

14h00 : Vers la caractérisation de la plasticité d'un complexe de récepteur nucléaire de l'acide rétinoïque hétérodimérique impliquant un IDP

Nathalie Sibille (CBS, Montpellier)

Les protéines intrinsèquement désordonnées (IDPs) exécutent une grande variété de fonctions qui sont cruciales pour la régulation et la maintenance des cellules. En conséquence, la caractérisation des particularités structurales des IDPs à l'état libre et en complexe avec leurs partenaires biologiques pertinents est cruciale pour révéler les bases moléculaires de la signalisation et du contrôle cellulaire. La caractérisation structurale et dynamique de ces systèmes biologiques flexibles nécessite l'intégration de données expérimentales contenant des informations complémentaires (RMN, X-Ray, SAXS, etc.).

15h00 : Ateliers sur projets : RX, RMN, microscopie

16h00 : Pause

16h15 : Ateliers sur projets (suite)

17h30: Discussion générale, questionnaire de retour des participants

19h30 : Buffet dînatoire

21h00 : Soirée dansante

Vendredi 8 juin

9h00 : Départ vers la Rochelle en Bus (Trajet 1h15 pour la gare de La Rochelle Ville)

Listes des formateurs

	Prénom	Nom	Institut	e-mail
	Jean	CAVARELLI	Institut de Génétique et de Biologie Moléculaire et Cellulaire, Illkirch	jean.cavarelli@igbmc.fr
	Vincent	DELAUZUN	Architecture et Fonction des Macromolécules Biologiques, Marseille	Vincent.Delauzun@afmb.univ-mrs.fr
	Marc-André	DELSUC	Institut de Génétique et de Biologie Moléculaire et Cellulaire, Illkirch	delsuc@igbmc.fr
	Leandro	ESTROZI	Institut de Biologie Structurale, Grenoble	leandro.estrozi@ibs.fr
	Jean-Luc	FERRER	Institut de Biologie Structurale, Grenoble	jean-luc.ferrer@ibs.fr
	Adeline	GOULET	Architecture et Fonction des Macromolécules Biologiques, Marseille	adeline.goulet@afmb.univ-mrs.fr



Dominique

HOUSSET

Institut de Biologie Structurale,
Grenoble

dominique.housset@ibs.fr



Ottilie

LOEFFELHOLZ
von COLBERG

Institut de Génétique et de
Biologie Moléculaire et
Cellulaire, Illkirch

loeffelc@igbmc.fr



Laurent

MAVEYRAUD

Institut de pharmacologie et de
biologie structurale, Toulouse

laurent.maveyraud@ipbs.fr



Claudine

MAYER

Institut Pasteur, Paris

mayer@pasteur.fr



Célia

PLISSON

Laboratoire de Biologie
Moléculaire Eucaryote,
Toulouse

celia.plisson@ibcg.biotoul.fr



Arnaud

POTERSZMAN

Institut de Génétique et de
Biologie Moléculaire et
Cellulaire, Illkirch

poterszman@igbmc.fr



Alain

ROUSSEL

Architecture et Fonction des
Macromolécules Biologiques,
Marseille

alain.roussel@afmb.univ-
mrs.fr



Marc

RUFF

Institut de Génétique et de
Biologie Moléculaire et
Cellulaire, Illkirch

ruff@igbmc.fr



Robert

SCHNEIDER

Université de Lille

robert.schneider@univ-
lille1.fr



Nathalie

SIBILLE

Centre de Biochimie
Structurale, Montpellier

nathalie.sibille@cbs.cnrs.fr



Aurélien

THUREAU

Synchrotron SOLEIL, Gif sur
Yvette

aurelien.thureau@synchro-
tron-soleil.fr



Carine

van
HEIJENOORT

Institut de Chimie des
Substances Naturelles, Paris
Saclay

Carine.VAN-
HEIJENOORT@cnrs.fr

Liste des participants

	Prénom	Nom	Institut	e-mail
	Benoît	ARRAGAIN	Institut De Biologie Structurale, Grenoble	benoit.arragain@gmail.com
	Viola	BASSIM	Architecture et Fonction des Macromolécules Biologiques, Marseille	Viola.bassim@afmb.univ- mrs.fr
	Syrine	BEJI	Institut de Génétique et de Biologie Moléculaire et Cellulaire, Illkirch	bejis@igbmc.fr
	Christine	BELLOIR	Centre des Sciences du Goût et de l'Alimentation, Dijon	christine.belloir@inra.fr
	Julien	BOUS	Centre de Biochimie Structurale, Montpellier	julien.bous@etu.umontpellie r.fr
	Alister	BURT	Institut De Biologie Structurale, Grenoble	alisterburt@gmail.com
	Jean-Charles	CARVAILLO	Institut de Biologie Intégrative de la Cellule, Gif-sur-Yvette	jean- charles.carvaillo@i2bc.paris- saclay.fr



Sandra

CHALHOUB

Institut de Génétique et de
Biologie Moléculaire et
Cellulaire, Illkirch

sandra.chalhoub@hotmail.com



Christopher

CHEVILLARD

Centre de Biochimie
Structurale, Montpellier

chris.chevillard@gmail.com



Maelenn

CHEVREUIL

Laboratoire de Physique des
Solides, Orsay

maelenn.chevreuil@u-psud.fr



Sophie

COMBET

Laboratoire Léon Brillouin, CEA,
Gif-sur-Yvette

sophie.combet@cea.fr



Julien

CROS

Centre de Biophysique
Moléculaire, Orléans

julien.cros@cpe.fr



Alexis

DOGLIANI

Architecture et Fonction des
Macromolécules Biologiques,
Marseille

alexis.dogliani@afmb.univ-
mrs.fr



Suzana

DOS REIS

Institut de Pharmacologie et de
Biologie Structurale, Toulouse

Suzana.Dos-Reis@Ipbs.Fr



Ahmad

ELBAHNSI

Institut de Minéralogie, de
Physique des Matériaux et de
Cosmochimie, Paris

ahmad.elbahnsi@upmc.fr



Matthew

JESSOP

Institut De Biologie Structurale,
Grenoble

matthewrjessop@gmail.com



Pernelle

KLEIN

Institut de Génétique et de
Biologie Moléculaire et
Cellulaire, Illkirch

pernelle.klein@gmail.com



Anthony

LEGRAND

Laboratoire de Biogénèse
Membranaire, Bordeaux

anthony.legrand@u-
bordeaux.fr



Romain

LINARES

Institut De Biologie Structurale,
Grenoble

romain.linares@ibs.fr



Allegra

MBOUKOU

Institut de Biologie Physico-
Chimique, Paris

allegra.mboukou@ibpc.fr



Cristina

PETCUT

Institut de Biologie Intégrative
de la Cellule, Gif-sur-Yvette

cristinapetcut@gmail.com



Louise

PINET

Institut de chimie des
substances naturelles, Gif-sur-
Yvette

louise.pinet@laposte.net



Alexandra

SERRIS

Institut Pasteur, Paris

alexandra.serris@gmail.com



Nathalie

SISATTANA

Institut de Biologie Physico-Chimique, Paris

sisattana@ibpc.fr



Kien Lang

UNG

Institut de Recherche en Infectiologie, Montpellier

kien-lam.ung@irim.cnrs.fr



Alejandro

VILLALTA
CASARES

Information Génomique et Structurale, Marseille

alejandro.villalta@igs.cnrs-mrs.fr



Claire

ZIMBERGER

Architecture et Fonction des Macromolécules Biologiques, Marseille

claire.zimmerger@hotmail.fr

NOTES

