

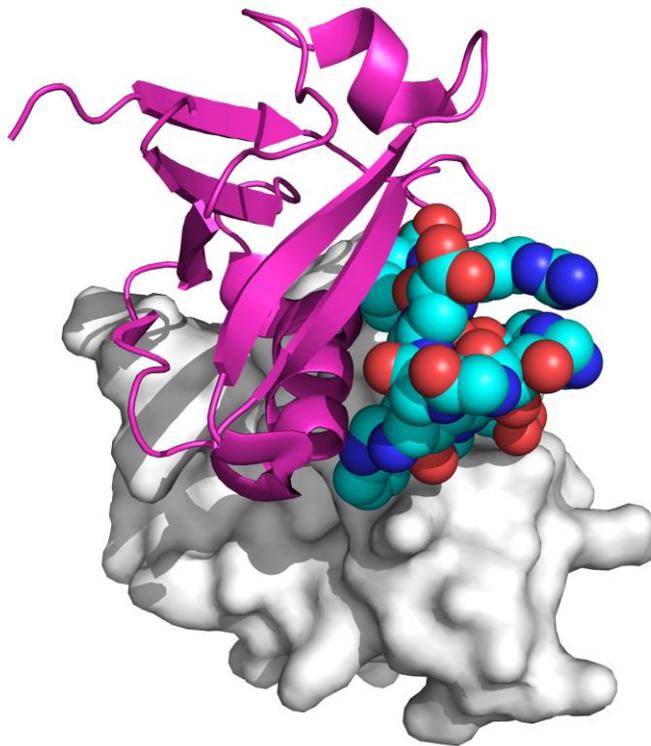


Institut Pasteur

**Cours Pasteur**

# **COURS DE BIOCHIMIE DES PROTEINES**

Explorer et comprendre les mécanismes  
moléculaires du vivant



## **PROGRAMME**

ANNEE UNIVERSITAIRE

**2019-2020**

# COURS DE BIOCHIMIE DES PROTEINES

LIEU : CENTRE D'ENSEIGNEMENT DE L'INSTITUT PASTEUR  
**PAVILLON LOUIS MARTIN**  
(BATIMENT 09 - COTE : 28, RUE DU DR. ROUX 75724 PARIS CEDEX 15)

CONFERENCES : **SALLE 3 (sous le restaurant)**

TRAVAUX PRATIQUES : **SALLE DE TP DU 2<sup>ème</sup> ETAGE (Pavillon Louis Martin)**

**\*\*\*\***

## DIRECTEURS DU COURS

**Jean-Michel BETTON**

Unité Adaptation au stress et Métabolisme  
chez les entérobactéries  
Institut Pasteur  
TEL 01 45 68 89 59  
E-MAIL [jean-michel.betton@pasteur.fr](mailto:jean-michel.betton@pasteur.fr)

**Nicolas WOLFF**

Unité Récepteurs-Canaux  
Institut Pasteur  
TEL 01 45 68 88 72  
E-MAIL [nicolas.wolff@pasteur.fr](mailto:nicolas.wolff@pasteur.fr)

**Thierry ROSE**

Unité de Biologie Cellulaire des Lymphocytes  
Institut Pasteur  
TEL 01 45 68 85 99  
E-MAIL [rose@pasteur.fr](mailto:rose@pasteur.fr)

## CHEF DE TRAVAUX

**Célia CAILLET-SAGUY**

Unité Récepteurs-Canaux  
Institut Pasteur  
TEL 01 44 38 91 81  
E-MAIL [celia.caillet-saguy@pasteur.fr](mailto:celia.caillet-saguy@pasteur.fr)

## RESPONSABLE TECHNIQUE

**Murielle ALMOUSSA**

Centre d'Enseignement  
Institut Pasteur  
TEL 01 45 68 85 00  
E-MAIL [murielle.almoussa@pasteur.fr](mailto:murielle.almoussa@pasteur.fr)

## « DU GENE A LA STRUCTURE-FONCTION DES PROTEINES »

La biochimie des protéines est une discipline sans cesse dynamisée par l'émergence de nouvelles technologies à la convergence de la chimie, la biophysique, la biologie moléculaire et la biologie cellulaire. Elle regroupe les méthodes d'étude des relations entre la structure et la ou les fonctions des protéines isolées *in vitro* ou dans leurs contextes biologiques ou intermédiaires. Elle contribue à la compréhension des mécanismes moléculaires du vivant comme la reconnaissance et l'assemblage moléculaire, la catalyse enzymatique et le transport. Ces événements sont à la base entre autres des voies de signalisation, de synthèse et de dégradation qui organisent le fonctionnement et le destin de la cellule en réponse au contexte. La fonction des protéines découle de la structure tridimensionnelle de leur état natif. Etudier la structure des protéines permet de comprendre dans le détail le mécanisme qui lie la structure à la fonction et d'interpréter les causes des éventuelles altérations de la fonction associées à des mutations des gènes d'expression ou des modifications du contexte biologique et ou des conditions d'observation.

Ce cours a vocation à former les élèves aux stratégies de production et d'études quantitatives structurales et fonctionnelles des protéines afin de qualifier les relations entre leur structure (composition, architecture, conformation, topologie) et leur fonction (localisation, recrutement, activité). Le but pédagogique est de préparer les élèves à leur autonomie dans la préparation et l'évaluation de la qualité des échantillons de protéines dans leurs laboratoires pour un dialogue et une collaboration avec des experts de la caractérisation fine, structurale ou fonctionnelle.

L'équipe d'enseignants-chercheurs encadrant ce cours a choisi d'illustrer différentes méthodes et techniques classiques ou émergentes de biochimie, de biophysique et de bioinformatique à l'état de l'art, sous la forme de cours théoriques et de travaux pratiques en prenant pour objet d'étude des protéines humaines de la signalisation neuronale. La kinase MAST2 et la phosphatase PTPN4 sont impliquées respectivement dans la régulation de la survie et de la mort des neurones, essentielle dans l'organisation, le maintien et le fonctionnement des tissus nerveux. Ces grosses protéines contiennent chacune un domaine homologue, canonique d'interaction protéine-protéine essentiel à leur activité. Les élèves produiront le domaine homologue issu de ces deux protéines et étudieront leurs caractères structuraux et fonctionnels tout au long du cours, au travers des différents modules d'enseignement.

**Ce cours est articulé en 4 modules ;**

### **M1 : Méthodes de production et de purification des protéines**

- Clonage, expression cellulaire et acellulaire, immuno-détection, dénaturation/renaturation, chromatographies d'affinité et d'exclusion

### **M2 : Méthodes biophysiques de caractérisation structurale**

- Sédimentation, chromatographie d'exclusion, diffusion, spectrométrie de masse, thermophorèse, fluorescence, dichroïsme circulaire, diffusion des rayons X, résonance magnétique nucléaire, microcalorimétrie, corrélation des fluctuations de fluorescence

### **M3 : Méthodes biochimiques de caractérisation fonctionnelle**

- Cinétique enzymatique, interactions dynamiques par résonance plasmonique de surface, activité dans la cellule par imagerie par imagerie, dosage sur puces microfluidiques

### **M4 : Méthodes bioinformatiques d'analyse des relations entre structure et fonction**

- Recherche et alignement de séquences, visualisation et comparaison de structures, construction de modèles moléculaires, analyse des variations orthologues et mutations et lien avec les altérations d'activité, recherche et identification de cibles

Les cours théoriques assureront à tous les participants la maîtrise des bases nécessaires à la compréhension de ces méthodes, et les travaux pratiques en donneront les clés opérationnelles. Trois épreuves écrites d'examen (M1, M2, M3+M4) évalueront à chaque fin de module les connaissances et la compréhension des enseignements proposés.

CALENDRIER DE LA SEMAINE N°1 - DU LUNDI 06.01 AU VENDREDI 10.01.2020

	Lundi 6/1	Mardi 7/1	Mercredi 8/1	Jeudi 9/1	Vendredi 10/1
9 h	Accueil des étudiants	<b>M1: Clonage et expression</b> (J.-M. Betton)	TP-M1 : Restriction (J.-M. Betton)	TP-M1 Transformation dans DH5 $\alpha$ (J.-M. Betton)	TP-M1: Analyse des transformations (J.-M. Betton)
10 h	Présentation générale du cours et du système biologique support des TD et TP (N.Wolff)	TP-M1 : PCR (J.-M. Betton)	<b>M1: Purification des protéines</b> (C.Caillet)	TP-M1 Transformation dans DH5 $\alpha$ (J.-M. Betton)	TP-M1: Criblage par PCR sur colonies (J.-M. Betton)
11 h	<b>M1: Biosynthèse des protéines</b> (J.-M. Betton)	TP-M1 : Analyse sur gel d'agarose (J.-M. Betton)	<b>M1: Purification des protéines</b> (C.Caillet)	TP-M4: Prédiction de la localisation et de la fonction des protéines (T.Rose)	TP-M1: crible par PCR sur colonies (J.-M. Betton)
12 h	<b>M1: Biosynthèse des protéines</b> (J.-M. Betton)	<b>M1: Clonage et expression</b> (J.-M. Betton)	TP-M1 : Séparation des fragments d'ADN (J.-M. Betton)	TP-M4: Prédiction des structures secondaires (T.Rose)	TP-M1: Analyse sur gel d'agarose (J.-M. Betton)
13 h					
14 h	<b>M2: Structure et repliement des protéines</b> (L. Sauguet)	TP-M1 : Analyse sur gel d'agarose (J.-M. Betton)	TP-M1 Séparation des fragments d'ADN (J.-M. Betton)	TP-M4: Prédiction des structures tertiaires (T.Rose)	<b>M4: Nombres, Dimensions et Unités</b> (T.Rose)
15 h	<b>M2: Structure et repliement des protéines</b> (L. Sauguet)	TP-M1 : Purification des fragments d'ADN (J.-M. Betton)	TP-M1 Purification des fragments d'ADN (J.-M. Betton)	TP-M4: Relations structure-fonction / PyMOL (T.Rose)	TP-M4: Software d'analyse et de représentations de données. (T.Rose)
16 h	TP-M4 : Recherche dans les bases de données (T.Rose)	TP-M4 : Introduction à PyMOL (T.Rose)	TP-M1 Ligature (J.-M. Betton)	TP-M4: Relations structure-fonction / PyMOL (T.Rose)	TP-M4: Software d'analyse et de représentations de données. (T.Rose)
17 h	TP-M4 : Recherche dans les bases de données (T.Rose)	TP-M4 : Introduction à PyMOL (T.Rose)	<b>M4: Prédiction de l'organisation, de la structure et de la conformation d'une protéine</b> (T.Rose)	TP-M4: Relations structure-fonction / PyMOL (T.Rose)	TP-M4: Software d'analyse et de représentations de données. (T.Rose)

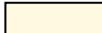
Cours **M1 : Biosynthèse et purification**

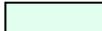
**M2 : Caractérisation structurale**

**M3 : Caractérisation fonctionnelle**

**M4 : Relations structure-fonction**

TP **M1** 

**M2** 

**M3** 

**M4** 

CALENDRIER DE LA SEMAINE N°2 - DU LUNDI 13.01 AU VENDREDI 17.01.2020

	Lundi 13/1	Mardi 14/1	Mercredi 15/1	Jeudi 16/1	Vendredi 17/1
9 h	TP-M1: Purification ADN plasmidique (J.-M. Betton)	TP-M1 : Production (J.-M. Betton)	TP-M1 : Lyse des bactéries (J.-M. Betton)	TP-M1: Collecte des protéolysats (J.-M. Betton)	M2: Spectroscopie UV/Fluo (Y. Gaudin)
10 h	TP-M1: Criblage par restriction (J.-M. Betton)	M3: Modifications post-traductionnelles des protéines (F.-X. Theillet)	TP-M1 : Clarification (J.-M. Betton)	M1: Chromatographie sur Système AKTA (J.-P. Boursier)	M2: Spectroscopie UV/Fluo (Y. Gaudin)
11 h	TP-M1: Analyse des restrictions sur gel (J.-M. Betton)	M3: Modifications post-traductionnelles des protéines (F.-X. Theillet)	TP-M1 : Chromatographie d'affinité (J.-M. Betton)	TP-M1 : Chromatographie sur Système AKTA (J.-P. Boursier)	M2: Microcalorimétrie (E. Ennifar)
12 h	TP-M1: Analyse des restrictions sur gel (J.-M. Betton)	TP-M1: Induction des cultures (J.-M. Betton)	TP-M1 : Chromatographie d'affinité (J.-M. Betton)	TP-M1: Analyse de la purification (J.-M. Betton)	M2: Microcalorimétrie (E. Ennifar)
13 h					
14 h	M3: Modifications chimiques des protéines, (M. Hollenstein)	M2: Chromatographie d'exclusion (C. Caillet)	TP-M1 : Chromatographie d'affinité (J.-M. Betton)	M2: Contrôle Qualité de protéines purifiées (S. Brulé)	TP-M2: Analyse Contrôle qualité, Vitesse sédimentation (B. Raynal)
15 h	M3: Modifications chimiques des protéines, (M. Hollenstein)	M2: Chromatographie d'exclusion (C. Caillet)	TP-M1: Analyse de la purification sur gel (JM. Betton)	M2: Vitesse sédimentation, DLS (S. Brulé)	M2: Equilibre sédimentation, SLS, viscosimétrie (B. Raynal)
16 h	TP-M1: Transformation par électroporation (BLI5) (J.-M. Betton)	TP-M1: Collecte des bactéries (J.-M. Betton)	TP-M1: Analyse de la purification sur gel (J.-M. Betton)	TP-M2: Contrôle qualité (S Brule) / Vitesse sédimentation (B. Raynal)	TP-M2: SLS (B. Raynal) / viscosimétrie (S Brulé) (B. Raynal)
17 h	TP-M1: Inoculation des milieux sélectifs (J.-M. Betton)	TP-M1: Lavage et congélation des bactéries (J.-M. Betton)	TP-M1 : Dialyse et digestion protéasique (J.-M. Betton)	TP-M2: Contrôle qualité (S Brule) / Vitesse sédimentation (B. Raynal)	TP-M2: SLS (B. Raynal) / viscosimétrie (S Brulé) (B. Raynal)

Cours M1 : Biosynthèse et purification

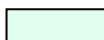
M2 : Caractérisation structurale

M3 : Caractérisation fonctionnelle

M4 : Relations structure-fonction

TP M1 

M2 

M3 

M4 

CALENDRIER DE LA SEMAINE N°3 - DU LUNDI 20.01 AU VENDREDI 24.01.2019

	Lundi 20/1	Mardi 21/1	Mercredi 22/1	Jeudi 23/1	Vendredi 24/1
9 h	M1: Examen (Biosynthèse et purification)	M2: Cristallogenèse et structures cristallines (A.Haouz)	M2/M3: Spectrométrie de masse (C. Carapito)	M3: Enzymologie (A.Chaffotte)	TP-M3: Enzymologie, cinétique de PTPN4 (C.Caillet)
10 h	M1: Examen (Biosynthèse et purification)	M2: Cristallogenèse et structures cristallines (A.Haouz)	M2/M3: Spectrométrie de masse (C. Carapito)	M3: Enzymologie (A.Chaffotte)	TP-M3: Enzymologie, cinétique de PTPN4 (C.Caillet)
11 h	Présentation TP-M2 (N.Wolff)	M2: Microscopie électronique (C.Rapisarda)	M3: Protéomique (M.Matondo)	M2 : Thermophérèse (P.Soule)	TP-M3: Enzymologie, cinétique de PTPN4 (C.Caillet)
12 h	Présentation TP-M2 (N.Wolff)	M2: Microscopie électronique (C.Rapisarda)	M3: Protéomique (M.Matondo)	TP-M2: Micro-Scale Thermopheresis (P.Soule)	TP-M3: Enzymologie, cinétique de PTPN4 (C.Caillet)
13 h					
14 h	M2: SAXS (A.Thureau)	TP-M2: Analyse SLS, viscosimétrie (B.Raynal)	TD/TP-M2: HDX (S. Brier)	M3: Dynamique des interactions (P.England)	TP-M2: Cristallograpie, résolution de structure (S. Petrella)
15 h	TP-M2: SAXS (A.Thureau)	TP-M2: Analyse SLS, viscosimétrie (B.Raynal)	TD/TP-M2: HDX (S. Brier)	M3: Dynamique des interactions (P.England)	TP-M2: Cristallograpie, résolution de structure (S. Petrella)
16 h	TP-M2: SAXS (A.Thureau)	TP-M2: Multiple data integration Modelisation (B.Raynal)	TD/TP-M2: HDX (S. Brier)	TD-M3: Dynamique des interactions (P.England)	TP-M2: Cristallograpie, résolution de structure (S. Petrella)
17 h	TP-M2: SAXS (A.Thureau)	TP-M2: Bilan (B.Raynal)	TD/TP-M2: HDX (S. Brier)	TD-M3: Dynamique des interactions (P.England)	TP-M2: Cristallograpie, résolution de structure (S. Petrella)

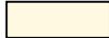
Cours M1 : Biosynthèse et purification

M2 : Caractérisation structurale

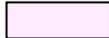
M3 : Caractérisation fonctionnelle

M4 : Relations structure-fonction

TP M1 

M2 

M3 

M4 

CALENDRIER DE LA SEMAINE N°4 - DU LUNDI 27.01 AU VENDREDI 31.01.2020

	Lundi 27/1	Mardi 28/1	Mercredi 29/1	Jeudi 30/1	Vendredi 31/1
9 h	TP-M2: Présentation des techniques d'analyse structurale (N.Wolff)	TP-M2: 2 MST/1 microcal/4 fluo/3 CD (Baron/Hoos/Caillet/Brulé)	TP-M2: 4 MST/3 microcal/2 fluo/1 CD (Baron/Hoos/Caillet/Brulé)	M2: RMN (N.Wolff)	TP-M2: RMN (C.Caillet, F.Cordier)
10 h	TP-M2: Présentation des techniques d'analyse structurale (N.Wolff)	TP-M2: 2 MST/1 microcal/4 fluo/3 CD (Baron/Hoos/Caillet/Brulé)	TP-M2: 4 MST/3 microcal/2 fluo/1 CD (Baron/Hoos/Caillet/Brulé)	M2: RMN (N.Wolff)	TP-M2: RMN (C.Caillet, F.Cordier)
11 h	TP-M2: Préparation des solutions et échantillons	TP-M2: 2 MST/1 microcal/4 fluo/3 CD (Baron/Hoos/Caillet/Brulé)	TP-M2: 4 MST/3 microcal/2 fluo/1 CD (Baron/Hoos/Caillet/Brulé)	TP-M2: RMN (C.Caillet, F.Cordier)	TP-M2: RMN (C.Caillet, F.Cordier)
12 h	TP-M2: Préparation des solutions et échantillons	TP-M2: 2 MST/1 microcal/4 fluo/3 CD (Baron/Hoos/Caillet/Brulé)	TP-M2: 4 MST/3 microcal/2 fluo/1 CD (Baron/Hoos/Caillet/Brulé)	TP-M2: RMN (C.Caillet, F.Cordier)	TP-M2: RMN (C.Caillet, F.Cordier)
13 h					
14 h	TP-M2: Rotation de 4 groupes sur 4 ateliers: Groupe 1 MST / Groupe 2 Microcalorimétrie / Groupe 3 Fluorescence / Groupe 4 CD	TP-M2: 3 MST/4 microcal/1 fluo/2 CD (Baron/Hoos/Caillet/Brulé)	TP-M2: Analyse et synthèse des résultats des 4 ateliers (C.Caillet, N.Wolff)	TP-M2: RMN (C.Caillet, F.Cordier)	TP-M2: RMN (C.Caillet, F.Cordier)
15 h	TP-M2: 2 MST/1 microcal/4 fluo/3 CD (Baron/Hoos/Caillet/Brulé)	TP-M2: 3 MST/4 microcal/1 fluo/2 CD (Baron/Hoos/Caillet/Brulé)	TP-M2: Analyse et synthèse des résultats des 4 ateliers (C.Caillet, N.Wolff)	TP-M2: RMN (C.Caillet, F.Cordier)	TP-M2: RMN (C.Caillet, F.Cordier)
16 h	TP-M2: 2 MST/1 microcal/4 fluo/3 CD (Baron/Hoos/Caillet/Brulé)	TP-M2: 3 MST/4 microcal/1 fluo/2 CD (Baron/Hoos/Caillet/Brulé)	TP-M2: Analyse et synthèse des résultats des 4 ateliers (C.Caillet, N.Wolff)	TP-M2: RMN (C.Caillet, F.Cordier)	TP-M2: RMN (C.Caillet, F.Cordier)
17 h	TP-M2: 2 MST/1 microcal/4 fluo/3 CD (Baron/Hoos/Caillet/Brulé)	TP-M2: 3 MST/4 microcal/1 fluo/2 CD (Baron/Hoos/Caillet/Brulé)	TP-M2: Analyse et synthèse des résultats des 4 ateliers (C.Caillet, N.Wolff)	TP-M2: RMN (C.Caillet, F.Cordier)	TP-M2: Bilan (caractérisation structurale)

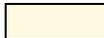
Cours M1 : Biosynthèse et purification

M2 : Caractérisation structurale

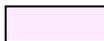
M3 : Caractérisation fonctionnelle

M4 : Relations structure-fonction

TP M1 

M2 

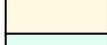
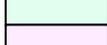
M3 

M4 

CALENDRIER DE LA SEMAINE N°5 - DU LUNDI 03.02 AU VENDREDI 7.02.2020

	Lundi 3/2	Mardi 4/2	Mercredi 5/2	Jeudi 6/2	Vendredi 7/2
9 h	M2: Examen (caractérisation structurale)	M4: Interactions protéines-protéines et protéines-ligands (T.Rose)	M3: Biochimie intégrative: imagerie quantitative dans des cellules vivantes (T.Rose)	M3: Miniaturisation des procédés d'analyses fonctionnelles: Lab-on-chip (T.Rose)	M3/M4: Examen (enzymologie / caractérisation fonctionnelle, relation structure-fonction, bioinfo)
10 h	M2: Examen (caractérisation structurale)	TP-M4: Visualisation des interactions protéine-ligand (T.Rose)	TP-M3: Caractérisation d'interactions ou de fonctions dans des cellules vivantes. Rotation de 4 groupes sur 4 ateliers. 1h/chaque	TP-M3: Conception d'un lab-on-chip (T.Rose, S.Goyard, P.Bochet)	M3/M4: Examen (enzymologie / caractérisation fonctionnelle, relation structure-fonction, bioinfo)
11 h	M2: Examen (caractérisation structurale)	TP-M4: Calcul théorique des interactions protéine-ligand (T.Rose)	TP-M3: Atelier 1: Fluorescence Localisation/interaction (J.Fernandes)	TP-M3: Conception d'un lab-on-chip (T.Rose, S.Goyard, P.Bochet)	M3/M4: Examen (enzymologie / caractérisation fonctionnelle, relation structure-fonction, bioinfo)
12 h		TP-M4: Prédiction des interactions protéine-ligand (T.Rose)	TP-M3: Atelier 2: Bioluminescence Cinétique enzymatique (T.Rose)	TP-M3: Fabrication d'un lab-on-chip par binome (T.Rose, S.Goyard, P.Bochet)	Questionnaire de satisfaction
13 h					Pot
14 h	TP-M4: Database des effets des mutations sur la fonction/pathologie (T.Rose)	TP-M4: Visualisation des interactions protéines-protéines (T.Rose)	TP-M3: Atelier 3: FCS Vitesse de diffusion cyto/noyau (A.Salles)	TP-M3: Fabrication d'un lab-on-chip par binome (T.Rose, S.Goyard, P.Bochet)	
15 h	TP-M4: Prédiction des effets des mutations sur la conformation (T.Rose)	TP-M4: Calcul des interactions protéines-protéines (T.Rose)	TP-M3: Atelier 4: Imagerie automatisée Vitesse de translocation nucléaire (N.Aulner)	TP-M3: Lab-on-chip / analyse des données acquises (T.Rose, S.Goyard, P.Bochet)	
16 h	TP-M4: Prédiction des effets des mutations sur la conformation (T.Rose)	TP-M4: Prédiction des interactions protéines-protéines (T.Rose)	TP-M3: Analyse quantitative des images (T.Rose)	TP-M3: Bilan caractérisation fonctionnelle (T.Rose)	
17 h	TP-M4: Bilan prédictions des effets des mutations (T.Rose)	TP-M4: Bilan prédictions des interactions (T.Rose)	TP-M3: Analyse quantitative des images et bilan (T.Rose)		

**Cours** M1 : Biosynthèse et purification  
M2 : Caractérisation structurale  
M3 : Caractérisation fonctionnelle  
M4 : Relations structure-fonction

**TP** M1   
M2   
M3   
M4 

## EXAMEN

L'EXAMEN FINAL est organisé en 3 épreuves écrites concernant les cours et les travaux pratiques:

### **M1 - Clonage, Mutagenèse, Expression et Purification**

Date: 20 janvier 2020 9h-11h  
Lieu: Salle de cours 3 (sous le restaurant)  
Modalité : Problème sur feuille  
Durée: 1h30  
Notation: sur 20  
Coefficient : 1

### **M2 - Caractérisation Structurale**

Date: 3 février 2020 9h-11h  
Lieu: Salle de cours 3 (sous le restaurant)  
Modalité : Questions de cours et de compréhension sur feuille  
Durée: 2h  
Notation: sur 20  
Coefficient : 1

### **M3/M4 - Caractérisation Fonctionnelle et Relations Structure-Fonction**

Date: 7 février 2020 9h-12h  
Lieu: Salle de cours 3 (sous le restaurant)  
Modalité: QCM en ligne  
Durée: 3h  
Notation: sur 20  
Coefficient : 1

La note finale sera calculée à partir de la moyenne des 3 notes  $[(M1+M2+M3,4)/3]$  sur 20.

## COORDONNEES DES ENSEIGNANTS

<b>Mme</b>	<b>AULNER Nathalie</b> UTechS PBI-Imagopole Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:nathalie.aulner@pasteur.fr">nathalie.aulner@pasteur.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>BARON Bruno</b> Plate-forme Biophysique Moléculaire Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:bruno.baron@pasteur.fr">bruno.baron@pasteur.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>BETTON Jean-Michel</b> Unité Adaptation au stress et Métabolisme chez les entérobactéries Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:jean-michel.betton@pasteur.fr">jean-michel.betton@pasteur.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>BOCHET Pascal</b> Analyse des Images Biologiques Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:pascal.bochet@pasteur.fr">pascal.bochet@pasteur.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>BOURSIER Jean-Philippe</b> GE-Healthcare France Orsay, France	E-MAIL <a href="mailto:JeanPhilippe.Boursier@ge.com">JeanPhilippe.Boursier@ge.com</a>
<b>Mr</b>	<b>BRIER Sébastien</b> Plate-forme Technologique de RMN biologique Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:sebastien.brier@pasteur.fr">sebastien.brier@pasteur.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>BRULE Sébastien</b> Plate-forme Biophysique Moléculaire Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:sebastien.brule@pasteur.fr">sebastien.brule@pasteur.fr</a>
<b>Mme</b>	<b>CAILLET-SAGUY Célia</b> Unité Récepteurs-Canaux Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:celia.caillet-saguy@pasteur.fr">celia.caillet-saguy@pasteur.fr</a>
<b>Mme</b>	<b>CARAPITO Christine</b> Lab. de Spectrométrie de Masse BioOrganique IPHC, Strasbourg, France	E-MAIL <a href="mailto:ccarapito@unistra.fr">ccarapito@unistra.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>CHAFFOTTE Alain</b> Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:alain.chaffotte@pasteur.fr">alain.chaffotte@pasteur.fr</a>
<b>Mme</b>	<b>CORDIER Florence</b> Plate-forme Technologique de RMN Biologique Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:florence.cordier@pasteur.fr">florence.cordier@pasteur.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>ENGLAND Patrick</b> Plate-forme Biophysique Moléculaire Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:patrick.england@pasteur.fr">patrick.england@pasteur.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>ENNIFAR Eric</b> Biophysique et Biologie Structurale IBMC, France	E-MAIL <a href="mailto:e.ennifar@ibmc-cnrs.unistra.fr">e.ennifar@ibmc-cnrs.unistra.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>FERNANDES Julien</b> UTechS PBI-Imagopole Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:julien.fernandes@pasteur.fr">julien.fernandes@pasteur.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>GAUDIN Yves</b> Institut de Biologie Intégrative de la Cellule Gif-sur-Yvette, France	E-MAIL <a href="mailto:yves.gaudin@i2bc.paris-saclay.fr">yves.gaudin@i2bc.paris-saclay.fr</a>

<b>Mme</b>	<b>GOYARD Sophie</b> Unité de Biologie Cellulaire des Lymphocytes Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:sophie.goyard@pasteur.fr">sophie.goyard@pasteur.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>HAOUZ Ahmed</b> Plate-forme Cristallographie Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:ahmed.haouz@pasteur.fr">ahmed.haouz@pasteur.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>HOLLENSTEIN Marcel</b> Groupe Chimie Bio-organique des Acides Nucléiques Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:marcel.hollenstein@pasteur.fr">marcel.hollenstein@pasteur.fr</a>
<b>Mme</b>	<b>HOOS Sylviane</b> Plate-forme Biophysique moléculaire Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:sylviane.hoss@pasteur.fr">sylviane.hoss@pasteur.fr</a>
<b>Mme</b>	<b>MATONDO Mariette</b> UTechS de Spectrométrie de Masse pour la Biologie Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:mariette.matodon@pasteur.fr">mariette.matodon@pasteur.fr</a>
<b>Mme</b>	<b>PETRELLA Stéphanie</b> Unité de Microbiologie Structurale Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:stephanie.petrella@pasteur.fr">stephanie.petrella@pasteur.fr</a>
<b>Mme</b>	<b>RAPISARDA Chiara</b> Institut Européen de Chimie et Biologie Bordeaux, France	E-MAIL <a href="mailto:chiara.rapisarda@pasteur.fr">chiara.rapisarda@pasteur.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>RAYNAL Bertrand</b> Plate-Forme de Biophysique Moléculaire Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:bertrand.raynal@pasteur.fr">bertrand.raynal@pasteur.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>ROSE Thierry</b> Unité d Biologie Cellulaire des Lymphocytes Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:rose@pasteur.fr">rose@pasteur.fr</a>
<b>Mme</b>	<b>SALLES Audrey</b> UTechS PBI-Imagopole Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:audrey.salles@pasteur.fr">audrey.salles@pasteur.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>SAUGUET Ludovic</b> Unité de Dynamique Structurale des Macromolécules Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:ludovic.sauguet@pasteur.fr">ludovic.sauguet@pasteur.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>SOULE Pierre</b> Nano Temper Technologies Munich, Allemagne	E-MAIL <a href="mailto:Pierre.Soule@nanotempertech.com">Pierre.Soule@nanotempertech.com</a>
<b>Mr</b>	<b>THEILLET François-Xavier</b> Institut de Biologie Intégrative de la Cellule Paris-Saclay, France	E-MAIL <a href="mailto:Francois-xavier.theillet@i2bc.paris-saclay.fr">Francois-xavier.theillet@i2bc.paris-saclay.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>THUREAU Aurélien</b> Synchrotron Soleil Paris-Saclay, France	E-MAIL <a href="mailto:aurelien.thureau@synchrotron-soleil.fr">aurelien.thureau@synchrotron-soleil.fr</a>
<b>Mr</b>	<b>WOLFF Nicolas</b> Unité Récepteurs-Canaux Institut Pasteur, Paris, France	E-MAIL <a href="mailto:nicolas.wolff@pasteur.fr">nicolas.wolff@pasteur.fr</a>