

## **BM07-FIP2 : une ligne flexible pour l'étude de phénomènes dynamiques en biocristallographie**

S. Engilberge<sup>1</sup>, E. Mathieu<sup>1</sup>, P. Jacquet<sup>1</sup>, L. Petit<sup>1</sup>, F. Borel<sup>1</sup>, E. Girard<sup>1</sup>, N. Caramello<sup>1</sup>, D. Madern<sup>1</sup>, S. Coquille<sup>1</sup>, P. Loubeyre<sup>2</sup>, F. Occelli<sup>2</sup>, P. Arnoux<sup>3</sup>, A. Royant<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Univ. Grenoble Alpes, CNRS, CEA, Institut de Biologie Structurale, Grenoble Cedex 9 38044, France

<sup>2</sup> CEA, DAM, DIF, 91297 Arpajon Cedex, France & Université Paris-Saclay, CEA, Laboratoire Matière en Conditions Extrêmes, Bruyères-le-Châtel, France

<sup>3</sup> BIAM, CEA, CNRS and Aix-Marseille University, UMR 7265 LBC, CEA Cadarache, 13108, Saint-Paul-lez-Durance, France

Courriel : [sylvain.engilberge@esrf.fr](mailto:sylvain.engilberge@esrf.fr)

Au cours des 40 dernières années, la cristallographie des protéines s'est transformée en une technique de haut débit. Cela a été rendu possible par diverses avancées méthodologiques et instrumentales décisives : le refroidissement des échantillons à température cryogénique, leur montage par des robots 6-axes (développement pour lequel la ligne BM30A-FIP a joué un rôle pionnier) et les détecteurs à pixels hybrides. Un changement de paradigme en cristallographie s'opère désormais avec l'utilisation de l'intelligence artificielle pour prédire la structure statique d'une protéine avec une précision remarquable en se basant uniquement sur sa séquence. Par ailleurs, l'évolution des synchrotrons en sources de 4<sup>ème</sup> génération va permettre l'émergence de lignes de cristallographie dédiées à l'enregistrement de données de diffraction sérielles à température ambiante. La biocristallographie s'oriente ainsi vers l'étude dynamique de mécanismes biologiques à l'échelle atomique. Dans ce contexte, la nouvelle ligne BM07-FIP2 se réinvente pour faciliter divers types expériences combinant la spectroscopie d'absorption de lumière UV-Visible, l'excitation actinique, la cristallographie sous haute pression et l'injection de ligands afin d'obtenir une vision fonctionnelle des processus biologiques sur une échelle de temps couvrant de la centaine de millisecondes jusqu'à plusieurs minutes.

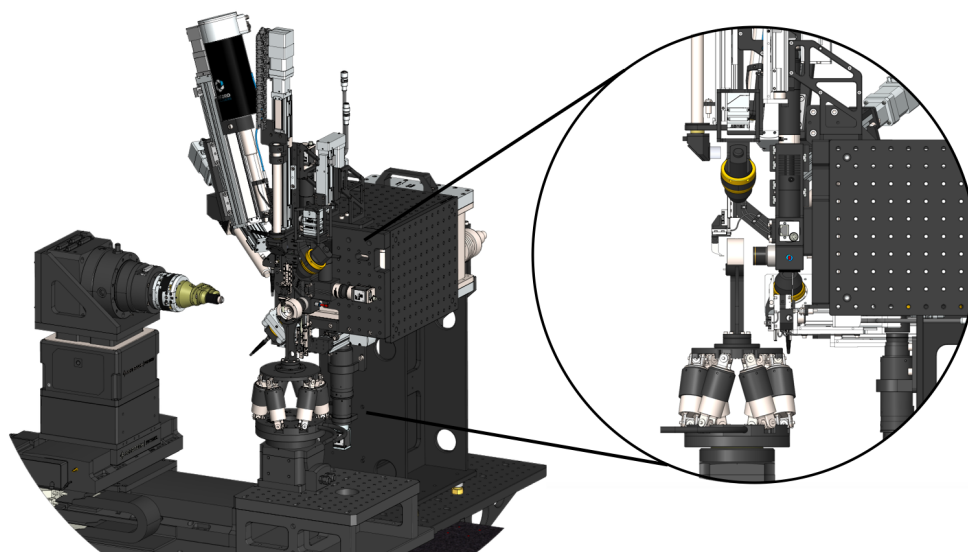


Figure 1 : Futur environnement échantillon de la ligne BM07-FIP2