



Regard

sur la

Biochimie

Edito

ACTIONS TOUT AZIMUTH

Articles

Mon enzymologie,
il y a 60 ans 2

Transcription cachée chez
Saccharomyces cerevisiae :
quand le bruit fait (anti)sens 4

Rapport moral 6

Vie de la société 8

Dates à retenir 9

La SFBBM pousse ses avantages dans toutes les directions et peut être fière de la réussite de l'ensemble de ses actions. Sur le plan des congrès tout d'abord. Une enquête de satisfaction internationale, visant à classer les trois derniers congrès de la FEBS, a placé en tête le Congrès FEBS-EMBO-SFBBM 2014 de Paris, face à ceux de Saint-Petersbourg (2013) et Berlin (2015). Plus localement, les rencontres des Groupes Thématiques rencontrent toujours un franc succès ; nul doute qu'il en sera de même pour le congrès SIFRARN, les 8-10 mars prochains à Toulouse.

Le journal BIOCHIMIE voit le nombre de soumissions d'articles augmenter de façon très significative. Son jeune frère BIOCHIMIE Open, entièrement en open access, monte en puissance et sera bientôt référencé dans PubMed.

Soutenir financièrement ses membres est l'un des buts que la Société s'est assigné. Afin de mieux servir la communauté scientifique, bourses et aides aux voyages verront leur montant relevé. Et, cerise sur le gâteau, deux appels annuels seront lancés en janvier et juin, au lieu d'un seul jusqu'à présent, pour les aides aux voyages pour congrès à l'étranger.

La SFBBM rayonne également à l'international puisqu'elle compte désormais 5 représentants au sein de la FEBS, fédération qui sera présidée en 2016 par Frédéric Dardel.

L'ensemble de ces actions est détaillé dans un site web nouveau et entièrement remodelé que la SFBBM a mis en ligne tout récemment ; un site complété par une page Facebook suivie par un nombre considérable de « followers ». Pour préserver et poursuivre ces buts, c'est aussi à vous, membres, de jouer. En réglant votre cotisation 2016 - le rétablissement du paiement par carte bancaire dès le début de 2016 vous facilitera la tâche – vous aurez le sentiment d'appartenir à une Société vivante et dynamique.

La fin décembre approche. Je vous souhaite de passer d'excellentes fêtes; que la nouvelle année qui pointe à l'horizon soit fructueuse à tout point de vue et empreinte de sérénité.

Alain Krol
Secrétaire général

Mon enzymologie

il y a 60 ans

Guy Dirheimer

Professeur honoraire à l'Université de Strasbourg

En ce temps-là (1955), on discutait du sexe des enzymes. Chaque biochimiste connaît l'origine du terme qui signifie « dans le levain ». N'étant pas autrement défini, l'enzyme devrait donc être neutre, mais la langue française, étant moins riche que le grec ou l'allemand (das Enzym), n'a pas de genre neutre. L'enzyme était donc masculin, mais soumis à de fortes pressions pour devenir féminin. Une pétition fut même organisée par Jacques Polonovski. Elle recueillit 250 signatures pour lui garder son machisme, mais rien n'y fit : enzyme passa peu à peu au genre féminin.

Donc il y a 60 ans, j'eus la chance d'être recruté au CNRS par le Professeur Jean-Pierre Ebel, tout juste revenu d'un stage post-doctoral chez le Professeur Fauré-Frémiet au Collège de France et nommé Maître de Conférences (l'équivalent de professeur 2ème classe actuel) à la Faculté de pharmacie de Strasbourg. A l'époque on entrait au CNRS comme stagiaire de recherche, payé 46.000 francs par mois (945 euros) ; un parrain, auquel il fallait rendre visite chaque année, était désigné par la commission du CNRS. Le mien fut le professeur Paul Mandel. Le poste était renouvelable tous les ans, après avis de la commission du CNRS. En somme, il s'agissait d'un CDD, pour écrire en langage actuel. Si tout allait bien, on passait attaché de recherche après 2 ans, et ce jusqu'à la thèse qui durait

5-7 ans (la mienne passée à 33 ans, prit 8 ans 5 mois, interrompue il est vrai par 28 mois de service militaire). Venait ensuite la promotion à chargé de recherche, mais on n'était jamais fonctionnaire titulaire. Pourtant la fonction pouvait avoir un certain prestige (à condition d'être dur d'oreille). Explication. J'avais acheté une 2CV (500.000 francs) avec presque 11 mois de mes premiers salaires CNRS. Un jour, je fus arrêté par un policier alors que je remontais un sens interdit au volant de ma précieuse voiture. Erreur explicable car, à Strasbourg, le sens des rues changeait comme les bourgeois y changent de chemises. Il me fut donc demandé : nom, prénom, profession. Ayant répondu : « attaché de recherche au CNRS », l'agent de la circulation me répondit : « CRS, excusez-moi, bonne journée » !

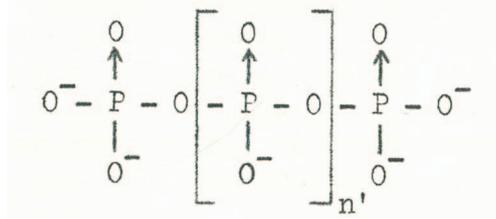


Figure 1.

Structure des polyphosphates inorganiques de longue chaîne : $n' > 8$ dans 50% des cas chez la levure.

Le sujet de thèse qui me fut confié était de rechercher le rôle biologique des polyphosphates inorganiques de longue chaîne (Figure 1). Ceux-ci existent en quantités plus ou moins importantes chez les microorganismes et avaient été étudiés dans le cas de la levure par J.P. Ebel, par chromatographie sur papier (thèse 1951). Yoshida et coll. et Hoffmann Ostenhof et coll. avaient montré, en 1953-1954, que les polyphosphates pouvaient phosphoryler l'ADP en ATP. Ils se comportaient donc comme un phosphagène, mais pouvaient-ils phosphoryler d'autres constituants cellulaires comme les oses ? Le professeur J.P. Ebel me demanda donc d'essayer de phosphoryler le glucose par les polyphosphates en présence d'hexokinase. A l'époque il n'y avait aucun enzyme sur le marché. Le catalogue de Boehringer Mannheim ne comportait qu'un seul produit, le NADPH ! Cependant, il y avait un livre magnifique

« Methods in Enzymology ». Seul le tome 1 avait paru à l'époque (nous en sommes au tome 562 en 2015 !), mais le laboratoire en était l'heureux propriétaire. On y décrivait la préparation de l'hexokinase de levure. Il fallait partir de 40 litres de suspension de levure de bière à laquelle on ajoutait du toluène pour faire éclater les cellules. Pour la levure de bière, pas de problème à Strasbourg. La brasserie Kronenbourg m'en fournit gratuitement, mais où trouver un récipient de 40 litres ? Mon père, Docteur en pharmacie, vint alors à mon secours. Propriétaire de la pharmacie du Dôme à Strasbourg, il avait une grosse bonbonne de 50 litres dans la cave de son officine. C'est là qu'eut lieu mon expérience, mais nous n'avions pas tout prévu ! Une puissante odeur de bière se répandit dans toute la pharmacie dont les clients intrigués se posèrent des questions : quelles orgies se déroulaient-elles dans l'arrière boutique ?

L'activité hexokinase était par contre suivie au laboratoire par la méthode de Kunitz et Mac Donald (1946). Comme pour chaque molécule de phosphate transférée apparaît une acidité (Figure 2), celle-ci peut être titrée par une solution de NaOH en se référant au pH de départ. Pour ce faire, je disposais d'un magnifique pH-mètre danois de la firme Radiometer, sensible au 100ème de pH. Il était si sensible qu'il ne pouvait être placé dans le grand laboratoire de chimie dont nous disposions à la Faculté de pharmacie. C'est pourquoi il fut installé dans la hotte qui se trouvait dans le petit bureau du professeur Ebel. J'expérimentais donc dans son dos pendant qu'il téléphonait, sauf quand fonctionnait la grosse centrifugeuse

MSE, également dans son bureau, capable de centrifuger 1 litre de suspension de levure. Comme elle était très bruyante, on n'entendait plus rien au téléphone ! C'étaient, avec une balance Mettler, les trois seuls instruments du laboratoire ! Un quatrième s'y rajouta quand le professeur Georges Cohen nous proposa son spectrophotomètre Beckman, devenu vieux, mais toujours fonctionnel. Celui-ci était alimenté par une batterie de voiture, mais il fallait aller le chercher à Gif-sur-Yvette où se trouvait à l'époque le laboratoire du célèbre enzymologiste. J'y allai donc avec ma 2CV (sans ordre de mission !) et le professeur m'aïda lui-même à porter le lourd parallélépipède dans ma petite voiture.

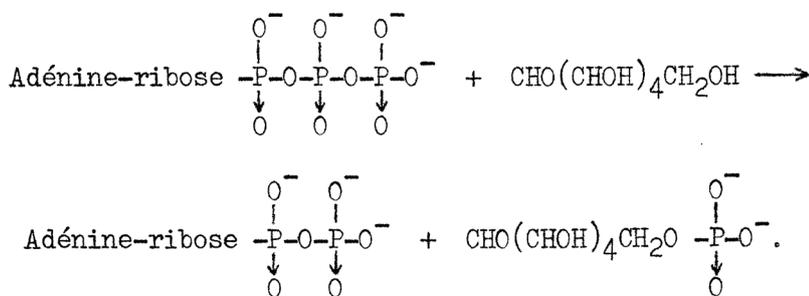


Figure 2.

Réaction hexokinase (ATP: glucose phosphotransférase) avec formation d'une fonction O-supplémentaire.

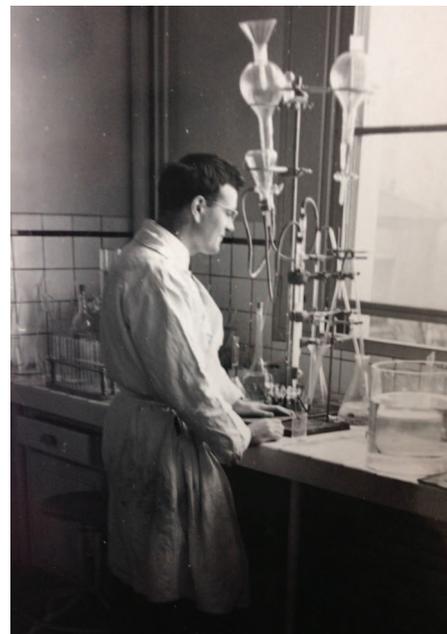


Figure 3.

G.D. faisant une chromatographie sur colonne en 1959 (il n'est pas en chemise de nuit, mais porte une blouse. Que c'est démodé !).

Quant aux polyphosphates de longue chaîne, appelés sels de Graham, je les préparais moi-même en fondant dans un creuset en platine du phosphate monosodique, refroidi ensuite brutalement. Cela donnait un verre constitué d'un mélange de polyphosphates de longueur de chaîne moyenne de 22 groupements phosphate. Le creuset était ensuite conservé sous clé dans le bureau du professeur Ebel. Il pesait bien 100g de platine !

Finalement, l'hexokinase de levure s'avéra ne pas pouvoir transférer le phosphate des polyphosphates au glucose. J'ai par contre trouvé cette activité quelques années plus tard chez *Corynebacterium phlei* d'où j'ai pu isoler un(e) enzyme à activité polyphosphate-glucose et -glucosamine phosphotransférase. Mais ceci est une autre histoire.

Références

- Yoshida A. et Yamataka A. J. (1953). *Biochem.* 40, 85.
Hoffmann-Ostenhof O. et Weigert W. (1952). *Naturwiss.* 38, 303.
Kunitz M. et Mac Donald M.R. (1946). *J.Gen. Physiol.* 29, 393.

Transcription cachée chez Saccharomyces cerevisiae :

quand le bruit fait (anti)sens

Julien Soudet

Département de Biologie Cellulaire - Université de Genève

Lauréat du concours article de l'année 2014

Depuis une dizaine d'années, le gain de sensibilité des techniques de séquençage à grande échelle a permis de mettre en évidence tout un pan caché de la transcription par l'ARN polymérase II. Ainsi, nous savons maintenant que les génomes sont presque entièrement transcrits chez les eucaryotes et le répertoire des longs ARN non codants (ARNnc) a augmenté de manière exponentielle.

L'autre jour, lors de la séance de questions suivant un séminaire, un de mes collègues a énoncé cette sentence : « Comme chacun le sait, la transcription cachée est du bruit et vient surtout du manque de spécificité de l'ARN polymérase II au moment de l'initiation ». Travaillant sur ce sujet, j'ai trouvé cela très provocateur. Puis j'ai pensé quel type de réponse, avec ses différentes nuances, je pourrais énoncer face à une telle affirmation en utilisant *Saccharomyces cerevisiae*, mon organisme modèle.

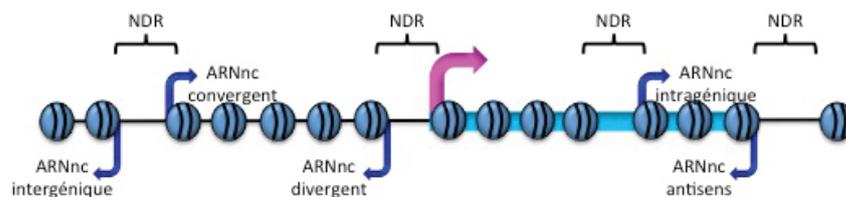


Figure. Organisation de la transcription cachée chez *S. cerevisiae*

La transcription par l'ARN polymérase II démarre dans les régions pauvres en nucléosomes (NDR : Nucleosome depleted regions). Cette transcription génère plus de 2000 ARNnc, soit un équivalent de plus de 1/3 de la totalité des gènes. Ces transcrits présentent toutes les configurations possibles : anti-sens, divergents, convergents et intragéniques. Leur site d'initiation de la transcription est représenté par une flèche bleue. La flèche rose indique l'initiation de la transcription d'un gène codant.

Chez la levure, ces ARNnc ont été révélés principalement dans des mutants de dégradation nucléaire (ARNnc CUT) (1) ou cytoplasmique (XUT) (2) des ARN, et des mutants de terminaison précoce de la transcription (NUT) (3). Ces transcrits instables proviennent principalement d'initiation au niveau des régions pauvres en nucléosomes se trouvant majoritairement dans le promoteur et la région 3' des gènes (4). Très souvent, les ARNnc sont issus de la transcription divergente au niveau du promoteur d'un gène donné. Les génomes de la levure étant très compacts, nombre de ces transcrits divergents forment alors des ARN anti-sens au gène convergent résidant en amont. Ainsi, près d'un tiers des gènes de levure contiennent des ARN anti-sens (5). Cependant, on trouve également des ARNnc intragéniques, intergéniques et convergents à un gène donné (Figure).

Un des arguments, assez pauvre, souvent entendu pour justifier la fonctionnalité biologique de la transcription cachée est le manque à gagner que cela représenterait pour une cellule si cette transcription était inutile. Cependant, les transcrits PolII sont très minoritaires par rapport aux transcrits PolI et PolIII, eux-mêmes soumis à des systèmes de contrôle-qualité pouvant mener à leur dégradation. Ainsi, le coût énergétique de la transcription cachée représente un budget négligeable ne pouvant servir à la justification de sa fonction.

Quelles sont alors les relations entre l'expression des ARNnc et celle des gènes ? Certains exemples ont permis de mettre en évidence une fonction des ARNnc dans la répression du gène adjacent. C'est par exemple le cas de l'ARN anti-sens du gène PHO84 (6) ou de l'ARN IRT1 en aval du gène IME1 (7). Dans ces deux cas, la transcription des ARNnc va permettre le recrutement d'enzymes de modification des histones guidant la désacétylation des nucléosomes situés dans le promoteur du gène et conduisant ainsi à sa répression.

Cependant, à l'échelle du génome, il existe une très faible corrélation entre le taux de transcription d'un ARN anti-sens et celui de son gène correspondant (8). De plus, les études à grande échelle indiquent que seulement 5 à 10% des gènes contenant des ARN anti-sens sont réprimés lors de la stabilisation de leur ARN anti-sens respectif (3). Enfin, même si le

modèle le plus étudié est la répression du gène par un ARN anti-sens, certains gènes peuvent au contraire être activés par leur ARN anti-sens (3). Il est donc impossible de résumer dans un modèle simple et unique la fonctionnalité des ARNnc. Et force est de reconnaître que, dans la majorité des cas, la stabilisation d'un ARNnc n'a aucun impact sur l'expression génique.

Cette affirmation est néanmoins à nuancer. Une des raisons pour lesquelles la fonction globale des ARNnc nous échappe est peut-être que, dans la majorité des études, le rôle d'un ARNnc n'est envisagé qu'à travers sa stabilisation. Or, il est possible que le niveau de base de transcription d'un ARN anti-sens atteigne déjà le seuil nécessaire à la régulation de l'expression de l'ARN sens. Ainsi, une stabilisation de l'ARN anti-sens ne révèle aucun phénotype. En revanche, il serait intéressant de connaître l'effet de la déstabilisation de l'ARN anti-sens. Très récemment, il a été montré que la perturbation de la transcription basale de l'ARN anti-sens du gène GAL10 à l'aide du système Cas9 active l'expression de GAL10 (9).

La fonction globale des ARNnc est peut-être plus subtile. En effet, récemment, une corrélation a été établie entre niveau de transcription des ARN anti-sens et organisation locale de la chromatine (8). Plus un ARN anti-sens est transcrit, plus la taille de la région pauvre en nucléosomes dans le promoteur de son gène associé est petite et plus le renou-

vellement des nucléosomes est important. La signification de la transcription cachée serait donc de participer au modelage du génome.

Il est à noter, néanmoins, que la plupart de ces expériences sont réalisées en milieu riche avec des cellules en phase exponentielle de croissance. Or, les ARNnc sont souvent associés à des gènes hautement régulés (10,11). Les changements environnementaux représenteraient donc un bon moyen de révéler l'utilité d'un ARNnc. Par exemple, une classe distincte d'ARNnc, les MUT, est révélée durant la méiose (12) suggérant l'importance de la transcription cachée durant cette étape.

Enfin, les ARNnc sont un réel réservoir évolutif. La perte par mutations de leur terminaison précoce et/ou une augmentation de leur stabilité pourraient leur permettre de devenir de nouveaux gènes. En effet, les ARNnc échappant à la dégradation et exportés vers le cytoplasme peuvent être retrouvés dans les polysomes (13).

Pour conclure, même s'il est indéniable qu'il est actuellement difficile d'attribuer une fonction générale aux ARNnc, j'espère avoir avancé ici quelques éléments de réponse mais aussi quelques futures pistes à explorer pour compléter cette réponse.

Références

1. Wyers, F. et al. (2005). Cryptic pol II transcripts are degraded by a nuclear quality control pathway involving a new poly(A) polymerase. *Cell* 121, 725-737.
2. Van Dijk, E. L. et al. (2011). XUTs are a class of Xrn1-sensitive antisense regulatory non-coding RNA in yeast. *Nature* 475, 114-117.
3. Schulz, D. et al. (2013). Transcriptome surveillance by selective termination of noncoding RNA synthesis. *Cell* 155, 1075-1087.
4. Xu, Z. et al. (2009). Bidirectional promoters generate pervasive transcription in yeast. *Nature* 457, 1033-1037.5. Biteau, B., Labarre, J., and Toledano, M. B. (2003) *Nature* 425, 980-984
5. Murray, S. C. et al. (2012). A pre-initiation complex at the 3'-end of genes drives antisense transcription independent of divergent sense transcription. *Nucleic Acids Res* 40, 2432-2444.
6. Camblong, J., Iglesias, N., Fickentscher, C., Dieppois, G. & Stutz, F. (2007). Antisense RNA stabilization induces transcriptional gene silencing via histone deacetylation in *S. cerevisiae*. *Cell* 131, 706-717.
7. Van Werven, F. J. et al. (2012). Transcription of two long noncoding RNAs mediates mating-type control of gametogenesis in budding yeast. *Cell* 150, 1170-1181.
8. Murray, S. C. et al. (2015). Sense and antisense transcription are associated with distinct chromatin architectures across genes. *Nucleic Acids Res* 43, 7823-7837.
9. Lenstra, T. L., Coulon, A., Chow, C. C. & Larson, D. R. (2015). Single-Molecule Imaging Reveals a Switch between Spurious and Functional ncRNA Transcription. *Mol Cell*, doi:10.1016/j.molcel.2015.09.028.
10. Castelnovo, M. et al. (2014). Role of histone modifications and early termination in pervasive transcription and antisense-mediated gene silencing in yeast. *Nucleic Acids Res* 42, 4348-4362.
11. Xu, Z. et al. (2011). Antisense expression increases gene expression variability and locus interdependency. *Mol Syst Biol* 7, 468.
12. Lardenois, A. et al. (2011). Execution of the meiotic noncoding RNA expression program and the onset of gametogenesis in yeast require the conserved exosome subunit Rrp6. *Proc Natl Acad Sci U S A* 108, 1058-1063.
13. Ingolia, N. T. et al. (2014). Ribosome profiling reveals pervasive translation outside of annotated protein-coding genes. *Cell Rep* 8, 1365-1379.

Rapport

Moral

L'année 2014 a été tout à fait exceptionnelle pour notre société puisque nous avons eu l'occasion de fêter le centenaire de sa création, en 1914. A cette occasion, l'essentiel de l'activité de notre société s'est concentré autour de cette célébration qui a mobilisé de nombreux membres de notre société.

LE CONGRÈS FEBS-EMBO

L'évènement phare a été l'organisation du Congrès FEBS-EMBO 2014 à Paris du samedi 30 août au jeudi 4 septembre au Palais des Congrès. Une session spéciale a en particulier été organisée pour célébrer notre centenaire, le samedi 30/8, au cours de laquelle il y eut plusieurs évènements marquants :

- ▶ Une rétrospective très vivante de l'histoire de notre société, présentée par le Pr. Dirheimer, qui complétait un remarquable travail écrit qu'il avait fait antérieurement et faisant l'objet d'un numéro spécial de regard sur la Biochimie,
- ▶ Les conférences des différents lauréats des prix Nicloux et Dina Surdin des années antérieures, ainsi que celle du prix de l'article de l'année.

Ces différents prix ont été remis en séance aux Lauréats :

Birgit Habenstein, Franck Martin, Sophie Rahuel-Clermont, Patrice Dunoyer, Annabelle Varot et Paul Guichard.

Le congrès FEBS-EMBO lui-même a été une grande réussite sur le plan scientifique, en particulier grâce à la contribution d'Eric Westhof, ancien président de la société, et l'une des quatre personnalités chargées d'élaborer le programme scientifique avec trois collègues désignés par la FEBS et l'EMBO. 192 conférences invitées ont été données soit dans le cadre du programme principal, soit dans le cadre de conférences satellites organisées avec la FEBS et l'EMBO, et 2039 abstracts/posters ont été acceptés.

Sur le plan de l'organisation, les équipes de la SFBBM, coordonnées par notre collègue Xavier Coumoul, ont été particulièrement performantes, tant sur les aspects logistiques en lien avec à la fois la FEBS et l'EMBO, que sur le volet financier (recherche de mécénat) et communication. Avec plus de 2600 participants, c'est la plus grosse audience de ces dernières années, aussi bien pour les congrès FEBS qu'EMBO.

Regard

sur la

Biochimie

BULLETIN DE LIAISON DE LA SOCIÉTÉ
FRANÇAISE DE BIOCHIMIE ET DE BIOLOGIE
MOLÉCULAIRE

Reconnue d'utilité publique

(décret du 27/4/1933)

45, rue des Saints Pères

75270 Paris cedex 06

Tél. 01 42 86 33 77

Fax 01 42 86 33 73

DIRECTEUR DE LA PUBLICATION
Frédéric Dardel

RÉDACTEUR EN CHEF
Alain Krol

RÉDACTEUR EN CHEF ADJOINT
François Bontems

SECRETARIAT DE RÉDACTION
Maria Foka

RÉDACTEURS
Maria Luz Cardenas
Maria Foka
Norbert Latruffe

CRÉDIT PHOTO
Collections Ecole Polytechnique
/ J. Barande, Ph. Laviolle

www.sfbbm.fr
sfbbm@sfbbm.fr

Pour soutenir la participation de nos jeunes collègues à ce congrès exceptionnel, la SFBBM a financé 11 bourses spécifiques pour le congrès FEBS-EMBO, en plus des 12 bourses traditionnellement dévolues aux congrès internationaux.

Toujours pour les jeunes collègues, en « lever de rideau » du congrès FEBS-EMBO, la SFBBM a organisé, dans les deux jours qui ont précédé, le Young Scientist Forum de la FEBS, qui a accueilli 115 participants européens. L'organisation en a été coordonnée par Alice Verchère, jeune doctorante membre de la société.

Parmi les autres faits marquants de la SFBBM en 2014, on peut citer :

Un nouveau contrat pour le journal BIOCHIMIE a été négocié et finalisé avec la société Elsevier BV, basée à Amsterdam. Outre quelques modifications, il simplifie la procédure de versement des honoraires aux rédacteurs français et étrangers de ce journal.

D'autre part, dans le cadre de ce contrat, nous avons convenu avec Elsevier de la mise en place d'un second journal scientifique, « Biochimie open », entièrement en ligne et open access, dont le rédacteur en chef est Xavier Coumoul. Le lancement officiel de ce nouveau journal, déclinaison de notre titre princeps, a été fait à l'occasion du congrès FEBS-EMBO.

Le congrès 2014 a aussi été l'occasion de nouer des rapprochements avec nos « sociétés-sœurs », les autres sociétés savantes de biologie en France. Un stand a été mis à leur disposition à l'occasion du congrès de la FEBS. Au cours des discussions qui se sont nouées lors du congrès, une action commune des Sociétés savantes de biologie française auprès du Ministère a été décidée. Nous avons collectivement alerté notre Ministère de tutelle sur nos inquiétudes sur les perspectives de recrutement dans nos domaines de la recherche en Biologie. En réponse à cette interpellation, les présidents de sociétés savantes ont été reçus par le directeur de cabinet. Cette action, couplée à d'autres mobilisations (« science en marche », ...), a probablement contribué à permettre d'éviter le pire au niveau des arbitrages budgétaires en fin d'année 2014.

Au nom de tous et avec l'ensemble des administrateurs de la Société, je tiens à remercier tous ceux qui par leur participation et leur engagement ont contribué à nos actions collectives pour cette année du centenaire.

Frédéric Dardel,
Président de la SFBBM

APPEL À COTISATION

La SFBBM a besoin de vous. N'oubliez pas de régler votre cotisation 2015.

Elle vous donne droit à une déduction fiscale et vous permet d'assister à tarif réduit aux nombreuses manifestations scientifiques organisées par la Société.

Des bourses et des prix sont réservés aux jeunes chercheurs.

Rendez-vous sur le site www.sfbbm.fr

DÉCEMBRE 2015

Vie de la

Société

RENOUVELLEMENT DE COTISATION POUR L'ANNÉE 2016

VOTRE FIDÉLITÉ EST LE GARANT
DE NOS ACTIONS PRÉSENTES ET FUTURES.

Nous vous remercions de nous apporter votre soutien en réglant dès à présent votre cotisation 2016. Elle vous permet d'assister à de nombreuses manifestations scientifiques organisées par la Société, sans oublier les bourses et les prix pour les jeunes chercheurs.

> LES DOCTORANTS ET LES JEUNES CHERCHEURS BÉNÉFICIENT D'UN TARIF RÉDUIT

La cotisation à la SFBBM et à la FEBS est valable pour l'année civile. Pour devenir membre, il suffit de compléter et d'adresser à la Société le formulaire d'adhésion présent dans ce numéro et sur le site : <http://www.sfbbm.fr>. L'adhésion n'est pas immédiate. Elle doit être approuvée par le Conseil d'Administration.

En prévision d'une demande de bourse à la FEBS, adhérez à la Société dès le début de l'année.

Pour être (ou rester) dans la liste de diffusion de la SFBBM, nous vous serions gré de transmettre au secrétariat de la Société vos modifications d'adresse électronique dès lors que vous ne recevez plus de messages.

Courriel du secrétariat de la SFBBM : sfbbm@sfbbm.fr

DATES

À retenir !

▶ CONGRÈS

DU GROUPE THÉMATIQUE SIFRARN

TOULOUSE, 8-10 MARS 2016

▶ <http://siffrn2016.sciencesconf.org>

▶ 41^{ÈME} CONGRÈS DE LA FEBS

“MOLECULAR AND SYSTEMS BIOLOGY FOR A BETTER LIFE”

Ephesus/Kusadasi (Turquie), 3-8 septembre 2016

▶ Dates limites :

Young Scientists' Forum, 15 avril 2016

Date limite pour abstracts, 1 mai 2016

Date limite pour demande de « bursaries », 1 mai 2016

Inscription précoce, 20 juin 2016

▶ Renseignements sur :

<https://www.febs2016.org>

BOURSES ET AIDES AU VOYAGE

Les appels d'offre pour les demandes de bourse Jean-Pierre Ebel et SFBBM/FEBS ainsi que pour les aides au voyage pour congrès à l'étranger paraîtront début janvier 2016.

ELECTIONS

Les élections pour le renouvellement partiel du bureau et du conseil d'administration de la SFBBM se dérouleront courant janvier 2016. Soyez nombreux à participer au scrutin !

10TH SifrARN MEETING



WEBSITE

Structure
Integration
Function
and Reactivity
of RNA
molecules



SFBBM
Société Française de Biochimie et Biologie Moléculaire

<http://sifrarn2016.sciencesconf.org>

Invited Speakers

MARCH
8-9-10
2016

TOULOUSE
Centre de Congrès
Pierre-Paul Riquet

Tamás Kiss

LBME Toulouse

Jean-Jacques Toulmé

IECB, Bordeaux

Claire Rougeulle

Université Paris Diderot
Paris

John Van Der Oost

Wageningen UR, NL

(The FEBS National Lecturer)



Nucleic Acids
Research

Follow @NAR_Open on Twitter

aviesan
alliance nationale
pour les sciences de la vie et de la santé

MERCK



Inserm

Institut national
de la santé et de la recherche médicale



UNIVERSITÉ
TOULOUSE III
PAUL SABATIER



FELLOWSHIPS
Fellowships will be financed
by the **SFBBM** to allow young
researchers to attend.

AWARDS
Prizes will be given to young
researchers for poster and oral presentations.