



Regard *sur la*

Biochimie

Edito

LA SFBBM COMPTE SUR VOUS.

VOUS POURREZ COMPTER SUR ELLE ... !

Une nouvelle année s'annonce, riche en découvertes passionnantes, tant scientifiques que culturelles et humaines. Je suis très heureux de vous présenter, au nom de la SFBBM, mes meilleurs vœux pour 2019. Que cette année vous apporte, ainsi qu'à tous les vôtres, beaucoup de joies et de satisfactions, personnelles et professionnelles.

Je formule me vœux pour que 2019, à l'image de cette année écoulée, permette à notre Société d'accomplir pleinement ses missions de rassemblement, d'animation scientifique et de représentation internationale de la communauté des biochimistes et des biologistes moléculaires. Ces missions ne peuvent être menées que grâce à votre soutien, par votre adhésion et votre cotisation à la SFBBM. A l'instar de beaucoup d'autres Sociétés Savantes, la SFBBM enregistre une diminution du nombre de ses adhérents qui ne pourra être inversée que par votre volonté à promouvoir la Société au sein de vos laboratoires, auprès de vos collaborateur(trice)s et plus particulièrement auprès des jeunes chercheur(se)s. N'oubliez pas d'adhérer et de faire adhérer à la SFBBM ! La campagne d'adhésion 2019 a débuté et, s'il était besoin de vous le rappeler, cette adhésion et le règlement des cotisations peuvent désormais être réalisés en ligne de manière très simple sur le site de la SFBBM.

Tandis que la manifestation scientifique phare à venir sera sans nul doute le congrès « Genetic code, mechanisms, evolution and challenges » que la SFBBM organisera conjointement avec la Société Française de Génétique du 26 au 28 mars 2020 à Strasbourg, 2018 a été marqué par le grand succès des réunions du Groupe de Travail « Enseignement de la Biochimie » coordonné par Jean-Luc Souciet, organisées au printemps et à l'automne, et de celui des deux colloques organisés par les groupes de travail « Protéolyse cellulaire » et « SifrARN » coordonnés respectivement à la Grande Motte en octobre par Olivier Coux (CRBM, Montpellier), et en novembre à Nancy par Bruno Charpentier et Séverine Massenet (IMoPA, Nancy). Cette dernière manifestation a également été l'occasion de remettre les prix de la SFBBM dont les récipiendaires ont été Amandine Bonnet (Institut Jacques Monod, Paris) pour le prix du meilleur article de l'année 2017 paru dans Molecular Cell sur la fonction des introns dans la protection des génomes des eucaryotes, Clément Charenton (ENS, Cachan) pour le prix Dina Surdin récompensant son travail de thèse décrivant les bases moléculaires du contrôle de la dégradation de la coiffe protectrice des ARNm eucaryotes, et Hervé Seitz (IGH, Montpellier) pour le prix Maurice Nicloux consacrant ses travaux

Vie de la société

Élections	2
Bourses / prix	
Aides financières	4
Rapport moral	7

Congrès

Article scientifique

Dates à retenir

Cotisation

Vie de la

Edito

SUITE

sur les rôles biologiques des micro ARN. Ces trois jeunes collègues incarnent parfaitement le dynamisme et l'excellence des activités scientifiques des membres de notre Société. Qu'ils reçoivent à nouveau tous les trois ici, au nom de la SFBBM, mes sincères félicitations et mes meilleurs vœux pour la poursuite de leur carrière scientifique. En 2019, un nouveau prix verra le jour : celui du meilleur article de l'année de notre revue Biochimie dont le succès ne se dément pas, et dont le fonctionnement évoluera prochainement, conjointement avec Biochimie Open, en anticipation de la réforme à venir pour la publication scientifique en Open-Access préconisée par le conseil de la recherche de la Communauté Européenne (Plan S).

Enfin, 2019 sera marquée par le départ de personnes ayant contribué de manière majeure au fonctionnement et au rayonnement de notre Société. Il s'agit tout particulièrement de Maria Foka, que tout un chacun aura eu l'occasion de croiser, de connaître et d'apprécier durant plus de deux décennies dans ses fonctions de responsable du secrétariat de la SFBBM. Que cet édit soit l'occasion de la remercier chaleureusement et de lui souhaiter une excellente retraite, riche et passionnante. Ce début d'année est enfin l'occasion de renouveler en partie le Conseil d'Administration de notre Société en raison de la fin du mandat de cinq de ses membres que je remercie ici vivement pour leurs contributions au sein de cette instance : Rachel Cerdan (Montpellier), Fabrice Fleury (Nantes), Anne Harduin-Lepers (Villeneuve d'Ascq), Claire Stines-Chaumeil (Bordeaux) et Sophie Rahuel-Clermont (Vandœuvre-lès-Nancy). Je vous laisse découvrir, au fil de ce nouveau numéro de Regard sur la Biochimie, les candidatures au remplacement de ces administrateurs.

Bon vote à vous toutes et tous !

Dominique Legrand
Président de la SFBBM

Société

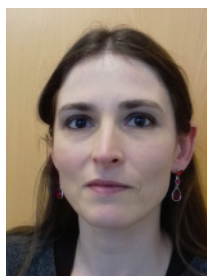
Elections pour le renouvellement partiel du conseil d'administration de la Société Française de Biochimie et Biologie Moléculaire

Les élections se dérouleront **du 27 janvier au 11 février 2019 inclus**.

Sont soumis à renouvellement :

POUR UN MANDAT DE 4 ANS

5 POSTES D'ADMINISTRATEUR



CLAIRE ROSNOBLET

Maître de Conférences
Agroécologie, AgroSup Dijon, CNRS, INRA, Université Bourgogne
Franche-Comté
Dijon
claire.rosnoblet@u-bourgogne.fr

Très intéressée par les thématiques et les actions de la SFBBM, dont je suis membre depuis 2010, je souhaite me porter candidate à la fonction d'administrateur.

J'ai obtenu mon doctorat en 2006, portant sur l'étude d'un complexe kinase chez les plantes au laboratoire de Physiologie Moléculaire des Semences à Angers. J'ai ensuite rejoint l'Institut de Recherche Interdisciplinaire de Lille pour participer à l'identification de complexes épigénétiques dans les cellules humaines. J'ai ensuite caractérisé des interactions entre des protéines du virus de l'hépatite C au laboratoire RMN et Modélisation de Villeneuve d'Ascq. Enfin, ma troisième expérience post-doctorale a porté sur l'étude d'une protéine impliquée dans une pathologie de glycosylation, au sein de l'équipe glycobiologie de la signalisation cellulaire et pathologies associées de l'Unité de Glycobiologie Structurale et Fonctionnelle de Villeneuve d'Ascq. Forte de l'interdisciplinarité et de la complémentarité de ces travaux de recherche, j'ai été recrutée en tant que Maître de Conférences à l'Université de Bourgogne en 2013, dans l'équipe Immunité et Signalisation, où mes travaux de recherche portent sur la caractérisation structurale et fonctionnelle de la protéine Cdc48 dans l'immunité des plantes.

Spécialisée dans l'étude des complexes et des interactions protéiques, et de leur implication dans les réactions de défense des plantes au niveau subcellulaire, j'espère que mon expertise pourra être utile à la SFBBM. De plus, enseignant la Biochimie du niveau L1 au M2, je suis également particulièrement intéressée par les actions pédagogiques menées par la SFBBM.



LAURENCE DROUARD

Directrice de recherche au CNRS
Institut de Biologie Moléculaire des Plantes
– Strasbourg
laurence.drouard@ibmp-cnrs.unistra.fr

Docteur de l'Université Louis Pasteur de Strasbourg, j'ai été recrutée au CNRS en 1986. Après un stage post-doctoral au Max-Planck Institut de Cologne (von Humboldt Fellow), j'ai rejoint l'Institut de biologie moléculaire des plantes (IBMP). Depuis 1995, j'y dirige une équipe de recherche dont l'activité porte sur le métabolisme et le trafic des ARN de transfert entre organites et autres compartiments cellulaires et sur les processus post-transcriptionnels et traductionnels dans les mitochondries végétales. Auteur d'environ 120 publications, revues, et chapitres d'ouvrage et éditrice d'un livre, je suis régulièrement invitée à des congrès internationaux et participe aussi à leur organisation, le dernier en tant que co-chair du 27ème congrès international sur les ARNt en 2018.

DR1 depuis 2007, j'ai participé à l'encadrement et l'animation de la recherche en tant que membre du conseil scientifique de l'Ecole doctorale 414 (2007-2012), membre élu de la section « biologie végétale » du CoNRS (2005-2008), membre de la commission CSS2 de l'IRD (2013-015), membre de la SVSE8 de l'ANR (2011-2013), professeur invitée de l'Université de Liège (2013-2015), membre élue de la FEBS (FEBS Fellowship Committee) depuis 2015, membre de l'editorial board de Nucleic Acids Research depuis 2015, chargée de mission OpenLAB (<http://ed414-openlab.unistra.fr/>) depuis 2008, membre du CA de la Société de Biologie de Strasbourg. Après avoir dirigé pendant quatre ans le département « Biogenèse des mitochondries dans la cellule végétale » de l'IBMP, j'ai pris la charge de directrice de l'unité en 2013.

Membre de la SFBBM depuis 1994 et de son conseil d'administration entre 2012 et 2015, j'ai participé activement au congrès international FEBS-EMBO de 2014 à Paris, et continue à suivre les activités de la Société, à participer au congrès du groupe thématique SIFRARN et à inciter mes doctorants pour qu'ils adhèrent à la SFBBM. La SFBBM et la SFG (Société Française de Génétique) organiseront un colloque en mars 2020 à Strasbourg et j'ai donné mon accord pour être membre du comité scientifique et responsable du comité d'organisation. Continuant à m'engager dans l'animation, la formation et la diffusion de la culture scientifique pour la SFBBM, je souhaite renouveler mon expérience au sein du conseil d'administration et vous soumetts ma candidature à l'élection des nouveaux membres du conseil d'administration de la SFBBM.



MARIE SISSLER

Directrice de recherche au CNRS
Institut Européen de Chimie et de Biologie
33600 Pessac
m.sissler@iecb.u-bordeaux.fr

Marie Sissler est directrice de Recherche au CNRS. Elle étudie les systèmes d'aminocacylation mitochondriaux humains en utilisant des approches combinant principalement la biochimie, la biologie moléculaire et cellulaire et la bioinformatique. Ses travaux sont une contribution à l'élargissement tant des connaissances fondamentales et évolutives de ces systèmes, qu'à la compréhension de certaines pathologies liées à des mutations découvertes soit dans les gènes mitochondriaux codant pour les ARN de transfert, soit dans les gènes nucléaires codant pour les aminoacyl-ARNt synthétases. Ces deux familles de molécules ont en effet été identifiées comme mutées dans des patients atteints de maladies musculaires et/ou neurodégénératives. Les liens moléculaires entre mutations et déclenchement de la maladie restent encore à ce jour majoritairement incompris, principalement du fait de la méconnaissance de toutes les particularités fonctionnelles et cellulaires de ces molécules. Depuis peu, Marie Sissler a rejoint l'Institut Européen de Chimie et de Biologie (IECB) de Pessac en région Bordelaise, où elle a élargi le champ thématique à l'étude des systèmes d'aminocacylation mitochondriaux de kinétoplastides parasitaires. Elle est membre de la SFBBM depuis 1995 et a été administratrice de la SFBBM de 2010 à 2014.



XAVIER ROUSSEL

Maître de Conférences – Université de Lille
Faculté des Sciences et Technologies
xavier.rousseau@univ-lille.fr

Après une formation en biochimie, j'ai obtenu un doctorat en enzymologie moléculaire et biologie structurale de l'Université de Nancy sous la direction du Pr Guy BRANLANT et du Dr Sophie RAHUEL-CLERMONT dans l'ex-unité AREMS (UMR7214). Mon travail de thèse portait sur la caractérisation du mécanisme catalytique de la sulfirédoxine de *Saccharomyces cerevisiae*. J'ai ensuite été recruté dans l'unité de Glycobiologie Structurale et Fonctionnelle (UMR8576) de l'Université de Lille, d'abord en qualité de chercheur CDD puis de maître de conférences. Mon travail de recherche consiste à étudier les mécanismes de synthèse de l'amidon et plus particulièrement à caractériser enzymatiquement et structuralement les enzymes impliquées dans cette synthèse chez *Arabidopsis thaliana*. D'un point de vue enseignement, je suis impliqué dans la formation en enzymologie et dans les techniques d'analyses des biomolécules en licence et en master. Récemment nommé co-directeur des études de biochimie dans la licence Sciences de la Vie de la faculté des Sciences de Lille, je souhaiterais intégrer le CA de la SFBBM afin de participer à la promotion de la biochimie à un niveau plus large.



STEFANIA MILLEVOI

Chargée de recherche INSERM
Responsable de l'équipe Protéines de liaison à l'ARN
et régulation post-transcriptionnelle dans le cancer
Centre de Recherche en Cancérologie de Toulouse
(CRCT)
31000 Toulouse
Stefania.millevoi@inserm.fr

J'ai débuté ma carrière scientifique à l'Université « La Sapienza » (Rome, Italie) en étudiant les mécanismes de repliement des protéines issues de bactéries thermophiles. Motivée par élargir mes connaissances en biochimie et biologie moléculaire, j'ai réalisé mon premier stage postdoctoral au sein du Laboratoire Européen de Biologie Moléculaire (EMBL) afin de caractériser l'épissage de transcrits codant pour des protéines musculaires. L'obtention de bourses postdoctorales européennes prestigieuses (Marie Curie, EMBO, FEBS) m'a permis d'intégrer des centres de recherches d'excellence du CNRS et de l'INSERM en France (Institut de Pharmacologie et Biologie Structurale (IPBS) et le centre de Lutte Contre le Cancer Claudius Regaud, respectivement) et de contribuer à la recherche dans le domaine de l'expression des gènes et leur dérégulation associée à des situations pathologiques. Depuis mon recrutement à l'INSERM en 2005, j'ai acquis une forte expertise dans le domaine des protéines de liaison à l'ARN et les mécanismes moléculaires impliqués dans la régulation de l'expression et la fonction d'ARN codant pour des facteurs clés du cancer. En 2016, j'ai pris la responsabilité d'une équipe de recherche au Centre de Recherche en Cancérologie de Toulouse (CRCT) dont la thématique se focalise sur l'étude du métabolisme de l'ARN dans le cancer. Depuis 2002, je suis membre actif de la SFBBM et j'ai participé régulièrement aux congrès « SifrARN », en tant qu'oratrice et membre du comité organisateur (en 2016, à Toulouse). Je suis actuellement investie dans l'organisation du colloque annuel RNAToul qui a pour but de fédérer les équipes de recherche de Toulouse et la région Occitanie travaillant dans le domaine de l'ARN. Je fais également partie du comité de pilotage du Cancéropole, plus précisément de l'AXE 2 « Dynamique du Génome et Cancer », dont la vocation est de renforcer et soutenir la recherche fondamentale sur la dynamique du génome et ses dérégulations dans les cancers. Poussée par la volonté de poursuivre mon engagement dans l'animation scientifique, je porte ma candidature au Conseil d'administration de la SFBBM afin de contribuer aux différentes missions de cette importante société savante en France et au rayonnement de la connaissance en biochimie et biologie moléculaire au niveau national et international.



SÉVERINE MASSENET

Chargée de recherche au CNRS
Ingénierie Moléculaire et Physiopathologie Articulaire
CNRS et Université de Nancy
severine.massenet@univ-lorraine.fr

J'ai effectué une thèse à Nancy dans le laboratoire dirigé par C. Branlant (1995-1999), dont le sujet portait sur la synthèse et la localisation de modifications post-transcriptionnelles dans des ARN non codants. J'ai ensuite effectué un stage post-doctoral dans le laboratoire de G. Dreyfuss (Philadelphie, USA) (2000-2002). Mes recherches visaient à mieux comprendre le rôle du complexe SMN dans la biogenèse des UsnRNP, qui sont des particules ARN/protéines (RNP) non codantes essentielles à l'épissage des ARN pré-messagers. Un défaut de complexe SMN induit chez l'homme l'amyotrophie spinale. J'ai été recrutée au CNRS fin 2002 en tant que chargée de recherche. Mon groupe s'attache à décrypter les mécanismes de synthèse de plusieurs RNP non codantes (i.e. UsnRNP, SRP, snoRNP) et à caractériser la fonction des facteurs nécessaires à ces mécanismes.

Je suis membre de la SFBBM depuis ma thèse. J'ai co-encadré l'organisation du congrès SifrARN 2018 qui s'est déroulé du 4 au 6 novembre 2018, ce qui m'a permis de mieux comprendre les buts et le fonctionnement de la SFBBM. Une telle société me paraît primordiale pour promouvoir une science de qualité en France en biologie et biochimie, et pour permettre son rayonnement à l'international. La SFBBM est également un outil indispensable pour la formation des futurs chercheurs, en favorisant la réflexion sur les méthodes d'enseignement et en permettant aux étudiants en thèse de participer à des congrès grâce à des bourses. Pour l'ensemble de ces raisons, je souhaiterais m'investir dans le fonctionnement de la société et devenir membre du conseil d'administration.

RAPPEL DATES

du 27 janvier
au 11 février 2019 inclus

2018

BOURSES / PRIX / AIDES FINANCIÈRES

Au cours de l'année 2018, la SFBBM a attribué des bourses, des prix et des aides financières pour permettre à ses membres d'assister à des congrès et conférences se tenant en France ou à l'étranger.

BOURSES JEAN-PIERRE EBEL

BÉNÉFICIAIRES DES BOURSES JEAN-PIERRE EBEL

> POUR ASSISTER À UN CONGRÈS INTERNATIONAL
SE DÉROULANT HORS DE FRANCE

- ALLOUCHE Delphine** / Ecole de Pharmacie Paris, pour le *RNA Meeting Berkeley*, Etats-Unis
- DAMODARAN Prasath** / IGDR-UMR6290 Rennes pour la Conférence *The complex life of RNA*, Allemagne,
- DESGRANGES Emma** / IBMC-CNRS Strasbourg, pour le *Meeting of regulating with RNA in Bacteria & Archaea*, Espagne,
- FERRADIAN Damien** / IBMC-CNRS Strasbourg, *RNA Meeting Berkeley*, Etats-Unis,
- NOEL Maxence** / UGSF, Lille, pour l'*International Sialiglyco Meeting* à Banff, Canada
- ROUSSARIE Elodie** / CRPP, Bordeaux, pour l'*ASBMB 2018*, San Diego
- SCHENCKBECHER Emma** / IBMC-CNRS Strasbourg, pour le *RNA Meeting Berkeley*, Etats-Unis,
- SEISSLER Tanja** / IBMC-CNRS Strasbourg, pour *Virus es 2018*, Espagne
- CELMA Louisa** / I2BC-CNRS, Gif-sur-Yvette, *European Crystallographie Meeting*, Espagne
- ETIENNE Clarisse** / IBCG Toulouse, pour assister au congrès *Molecular Biology of Archaea*, Autriche
- NOZERET Karine** / Institut Pasteur, pour *The 3rd Intl Conference on Post-Translational Modifications in Bacteria*, Allemagne

BOURSES SFBBM-FEBS

BÉNÉFICIAIRES DES BOURSES SFBBM-FEBS POUR ASSISTER À UN CONGRÈS DE LA FEBS

- BESSONET Thomas** / LCAB-Genoscope, Evry, pour assister au 43ème congrès de la FEBS, à Prague
- LAVECCHIA Francesco** / I2BC - CNRS, Gif-sur-Yvette, pour assister au 43ème congrès de la FEBS, à Prague

PRIX

MAURICE NICLOUX 2018

Le lauréat 2018 du prix Maurice Nicloux, décerné par la SFBBM, est :

- **Hervé SEITZ**
CR1-CNRS à l'IGH-UMR 9002
à Montpellier.

PRIX

DINA SURDIN 2018

Le lauréat 2018 du prix Dina Surdin, décerné par la Fondation Dina Surdin, est :

- **Clément CHARENTON**
actuellement en stage post-doctoral au
Royaume-Uni.

PRIX

ATTRIBUÉS AU CONGRÈS 2018

DU GROUPE THÉMATIQUE "SIFRARN"

de la SFBBM, à Nancy

**1/ MEILLEURE PRÉSENTATION ORALE
DOCTORANTE****TRINQUIER Aude** / CNRS IBPC, Paris**2/ MEILLEURE PRÉSENTATION ORALE
POST-DOCTORANTE****DELAN-FORINO Clémentine**

/ post-doctorante au Royaume-Uni

3/ MEILLEUR POSTER DOCTORANTE**Hilal YETER-ALAT** / CNRS IBPC, Paris

PRIX

ATTRIBUÉS À DES JEUNES CHERCHEURS

POUR LA QUALITÉ DE LEUR PRÉSENTATION
ORALE LORS DU CONGRÈS 2018 DU GROUPE
THÉMATIQUE "PROTÉOLYSE CELLULAIRE"
de la SFBBM, à La Grande Motte**ALCARAZ Lindsay** / IRCM-Inserm,
Montpellier**ALSAYYAH Cynthia** / IBPC, Paris**BASU Meenakshi** / IGMM, Montpellier**CARTEL Maëlle** / CRCT, Toulouse,**HAMON Marie-Paule** / UPMC, Paris**JACOBS Kathryn** / Université de Nantes**MAARIFI Ghizlane** / IRIM-CNRS, Montpellier**SEDA Seren** / Université de Tours

AIDES FINANCIÈRES

POUR ASSISTER À UN CONGRÈS INTERNATIONAL SE TENANT DANS UN PAYS AUTRE QUE LA FRANCE

> BÉNÉFICIAIRES

AUDIC Yann / IGDR-CNRS Rennes, pour assister au *2nd International Caparica Conference in Splicing*, Portugal**BRAUN Frédérique** / CNRS-UMR 8261, *FASEB Post-Transcriptional Control of Gene Expression : Mechanisms of RNA*, USA**GIGLIONE Carmela** / CNRS-I2BC, Gif-sur-Yvette, pour assister au *43ème congrès de la FEBS*, à Prague**GILET Reynald** / IGDR-CNRS, Rennes, *Evolution-Genetic Novelty/Genomic Variations by RNA Networks&Viruses*, Autriche**SAUTER Claude** / IBMC-CNRS Strasbourg, *International Conference on the Crystallization of Biological Macromolecules*, Chine**ZAMBOLINI Alessia** / Inserm U944, Paris, pour assister au congrès *Frontiers in Retrovirology 2018*, Belgique

PRIX DE

L'ARTICLE DE L'ANNÉE 2018

Le lauréat du concours Prix Article de l'année 2018 est

► **Damien SORIGUÉ**Institut de Biosciences et Biotechnologies Aix-Marseille
(BIAM) à Saint-Paul-lez-Durance.

SOUTIEN DU SFBBM

A UN PROJET MOOC

► **GRIGORIAN Eugénie**UPMC CNRS, pour assister à l'Atelier de
Biocristallographie 2018, au Synchrotron
SOLEIL

RAPPORT MORAL 2017

Dominique Legrand - Président de la SFBBM (2016-présent)

Fidèle à ses engagements au service de la communauté en biochimie et biologie moléculaire et de ses membres, la SFBBM a poursuivi et amplifié en 2017 ses actions en matière d'animation, de promotion et de soutien des activités de recherche et de formation. Ses actions ont consisté tout particulièrement à l'animation de manifestations scientifiques, dans le cadre de ses groupes thématiques, et au niveau international. Son soutien aux activités de ses membres s'est concrétisé non seulement au travers des dispositifs précédemment mis en place, tels que ses prix et bourses de voyage, mais également à celui de ses publications scientifiques, et à de nouveaux appels d'offre pour le soutien aux manifestations scientifiques en recherche et en formation.

Parmi les faits marquants de la Société en 2017, il y a lieu de noter plus particulièrement :

Les manifestations scientifiques organisées par la SFBBM. L'événement majeur de 2017 a été sans nul doute la tenue de son congrès annuel prenant place dans le cadre du premier congrès FEBS3+ organisé du 23 au 26 octobre à Barcelone, conjointement avec la SFBBM et ses homologues espagnole et portugaise (SEBBM et SPB). L'événement a profité d'un soutien financier de la FEBS et réuni plus de 700 participants. D'une très grande qualité scientifique, la manifestation s'est articulée autour de conférences plénières remarquables parmi lesquelles celle d'ouverture délivrée par Jules Hoffmann, prix Nobel de physiologie ou médecine en 2011 et à travers trois symposia portant sur la structure et la fonction des biomolécules, la régulation génique et la signalisation cellulaire, et les bases moléculaires des maladies, auxquelles se sont ajoutées les rencontres des groupes thématiques des trois Sociétés. Par ailleurs, deux groupes thématiques de la SFBBM ont tenu leurs rencontres scientifiques : le GT « Enseignement de la Biochimie » au cours de ses deux journées annuelles rassemblant plusieurs dizaines de participants, animées par Jean-Luc Souciet et organisées en juin et en novembre à Paris, et le GT "Enzymes" dont le colloque a été organisé en partenariat avec le Club Biocatalyse en Synthèse Organique (CBSO) du 9 au 12 mai 2017 au Croisic. Les sessions de cet événement, réunissant près de cent participants ont été consacrées aux mécanismes enzymatiques, au criblage et à l'ingénierie d'enzymes, aux systèmes multi-enzymatiques, la structure, le métabolisme et la biocatalyse.

La SFBBM a également décerné plusieurs distinctions scientifiques : le prix Maurice Nicloux 2017 a été attribué à Michaël Ryckelynck, Maître de Conférences à l'IBMC de Strasbourg pour ses travaux de recherche sur le développement de la technologie de microfluidique en gouttelettes et son application pour la caractérisation de réactions biologiques. Le prix Dina Surdin a, quant à lui, été attribué à Thomas Eychenne pour son travail de thèse réalisé au CEA de Saclay sur la compréhension des mécanismes moléculaires d'action du complexe médiateur chez le modèle levure. Enfin, la lauréate du prix de l'article de l'année 2017 est Amandine Bonnet de l'Institut Monod pour son article dans *Molecular Cell* sur la fonction des introns sur l'intégrité des génomes eucaryotiques.

Les journaux de notre Société, *Biochimie* et *Biochimie Open*, continuent à avoir une excellente activité. Le facteur d'impact de *Biochimie* sur 5 ans est monté à 3,156 tandis que *Biochimie Open*, mis en ligne en 2015, est désormais référencé sur PubMed. Dans un but de promotion des activités des journaux, une réflexion a été initiée pour instituer un Prix du meilleur article de l'année dans *Biochimie*. La mise en place devrait avoir lieu dès l'automne 2018.

Enfin, 2017 a vu le lancement de deux nouveaux appels d'offres (AAP) annuels : l'AAP « manifestations scientifiques – recherche et formation » et un AAP permettant la promotion des cours en ligne (MOOC). Ces deux dispositifs sont venus compléter ceux d'aides au voyage existants pour les membres de la SFBBM, plus particulièrement ses jeunes chercheurs, et dont ont pu profiter 15 d'entre eux pour leurs déplacements à des congrès ou des écoles en 2017.

SFBBM

Congrès

LE SIFRARN (STRUCTURE, INTÉGRATION, FONCTION ET RÉACTIVITÉ DE L'ARN)

Le SifrARN (Structure, Intégration, Fonction et Réactivité de l'ARN) est un congrès bisannuel organisé sous l'égide de la SFBBM. La 11^{ème} édition a rassemblé 175 scientifiques français et étrangers, du 6 au 8 novembre 2018, sur le Campus de la Faculté des Sciences et Technologies de l'Université de Lorraine, à Vandœuvre-lès-Nancy (<https://sifram2018.sciencesconf.org/>). Le comité d'organisation, coordonné par Bruno Charpentier et Séverine Massenet, était composé de chercheurs et enseignants-chercheurs de l'équipe « ARN-RNP Structure-Fonction-Maturation » du laboratoire IMoPA UMR 7365 à Vandœuvre-Lès-Nancy (Isabelle Behm-Ansmant, Christiane Branlant, Stéphane Labialle, Sylvain Maenner, Xavier Manival, Iouri Motorine, Mathieu Rederstorff, Athanase Visvikis, Guillaume Vogin).



Une partie du congrès a été consacrée à l'enseignement de la biochimie, avec une session entièrement dédiée aux nouvelles méthodes d'enseignement et l'organisation d'une table ronde.

Ces journées ont également été l'occasion pour Alain Krol (Secrétaire Général de la SFBBM) de remettre trois prix : deux de la SFBBM - meilleur article de l'année 2017 à Amandine Bonnet) et prix Maurice Nicloux 2018 à Hervé Seitz - et le prix de la fondation Dina Surdin 2018 à Clément Charenton.

Une soirée de gala s'est tenue dans les grands salons de l'Hôtel de Ville de Nancy, Place Stanislas, où un hommage a été rendu à Christiane Branlant pour l'ensemble des travaux réalisés tout au long de sa carrière, par Alain Krol et Reinhard Lührmann et l'ensemble de la communauté scientifique.

Le congrès s'est achevé par une visite guidée du centre historique de Nancy pour ceux qui le désiraient.

**Le prochain SifrARN aura lieu en 2020
dans la région de Bordeaux**



LE 8ÈME COLLOQUE DU GROUPE PROTÉOLYSE DE LA SFBBM

Le 8ème colloque du groupe Protéolyse de la SFBBM s'est tenu du 15 au 17 octobre à La Grande Motte (Hérault). Il a été organisé par un comité local coordonné par Olivier Coux (CRBM) et comprenant plusieurs scientifiques de Montpellier (Pascale Bomont, INM ; Guillaume Bossis, IGMM ; Solange Desagher, IGMM ; Dimitris Liakopoulos, CRBM ; Emmanuelle Liaudet-Coopman, IRCM ; Marc Piechaczyk, IGMM ; Dimitris Xirodimas, CRBM).

Ce colloque a rassemblé 75 scientifiques français et étrangers autour du thème de la protéolyse cellulaire et a permis un tour d'horizon large de cette thématique, le programme couvrant aussi bien la protéolyse extracellulaire que les protéases cytosoliques, le système ubiquitine-protéasome, les systèmes de conjugaison des protéines apparentées à l'ubiquitine (ub-like) et l'autophagie. Les travaux présentés allaient d'approches très fondamentales, structurales et mécanistiques à des approches translationnelles visant à cibler les systèmes protéolytiques dans diverses pathologies dont le cancer, les maladies virales et neurodégénératives.

En plus d'orateurs invités de renommée internationale, une large place a été faite pour des présentations sélectionnées à partir des résumés. Cela a donné l'occasion à de jeunes chercheurs (doctorants et post-doctorants) de présenter leurs travaux de recherche devant une audience de spécialistes du domaine. La tenue du congrès dans un centre de vacances a permis d'héberger tous les participants sur le site du colloque, ce qui a favorisé les échanges lors des repas et des soirées et ainsi la mise en place de nouvelles collaborations.

Des prix ont permis de récompenser les doctorants et post-doctorants sélectionnés pour une présentation orale, ainsi que les 2 meilleurs posters.

À l'issue du colloque, un sondage anonyme a été mis en ligne pour évaluer le degré de satisfaction des participants sur différents aspects. Sur 37 réponses à ce jour, 95% des participants se sont déclarés très satisfaits (51,4%) ou satisfaits (43,2%) de l'organisation et du contenu du congrès.



La prochaine édition du colloque du groupe Protéolyse de la SFBBM se tiendra dans deux ans en région parisienne.

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
Dominique Legrand

RÉDACTEUR EN CHEF
Alain Krol

RÉDACTEURS
Maria Foka
Eric Westhof

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

www.sfbbm.fr
sfbbm@sfbbm.fr

APPEL À COTISATION

La SFBBM a besoin de vous. N'oubliez pas de régler votre cotisation 2019.

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 en réglant votre cotisation 2019. Le paiement par carte bancaire est possible.

Consultez www.sfbbm.fr

Article

Scientifique

MICROFLUIDIQUE APPLIQUÉE À LA BIOLOGIE MOLÉCULAIRE : UNE RÉVOLUTION DIGITALE EN MARCHÉ

Michael Ryckelynck

Université de Strasbourg, CNRS, Architecture et Réactivité de l'ARN, Équipe Biologie Digitale de l'ARN, Strasbourg

Ces dernières années ont été le témoin de l'amorçage d'une véritable révolution technologique dans les Sciences du Vivant résultant notamment du rapprochement de deux disciplines : la Microfluidique et la Biologie Moléculaire ; l'exemple aujourd'hui le plus criant étant l'essor des nouvelles technologies de séquençage à haut débit.

■ PROPRIÉTÉS ET APPORTS DES SYSTÈMES MICROFLUIDIQUES

La Microfluidique est, à l'origine, une branche de la Physique se proposant d'étudier et de caractériser le comportement des fluides aux échelles micrométriques. En effet, la réduction de la taille caractéristique d'un système dans lequel des liquides sont mis en circulation n'est pas sans conséquence sur les propriétés de ces derniers. L'effet le plus remarquable est vraisemblablement l'adoption d'un régime d'écoulement laminaire où les liquides circulent parallèlement l'un à l'autre sans qu'aucun mélange (ni advection, ni convection) autre que la diffusion n'opère (1). Bien que cette propriété soit handicapante pour certaines applications requérant un mélange rapide des réactifs, elle offre également la possibilité d'un contrôle fin sur la circulation des liquides qui est mis à profit, par exemple, lors de la manipulation de phases non miscibles (production contrôlée de gouttelettes d'eau dans l'huile, voir plus bas). Cette précision dans le contrôle des liquides ainsi que la forte miniaturisation des volumes (et donc réduction des coûts engendrés) et la possibilité de développer rapidement de nouveaux prototypes de puces microfluidiques, ont permis l'introduction de plusieurs nouvelles technologies de rupture au cours de la décennie passée.

Un dispositif microfluidique est typiquement constitué d'un bloc monolithique de polymère (silicone, plastique...) dans lequel sont gravés des canaux dont au moins une des dimensions est de l'ordre de quelques micromètres. Dans sa forme la plus simple, le dispositif microfluidique est composé d'un canal unique dans lequel des réactifs sont injectés dans un ordre défini et à des débits contrôlés. Ces dispositifs, regroupés sous l'appellation de cellule d'écoulement (ou « flow cell » en terminologie anglo-saxonne) constituent l'élément cœur commun à toutes les plateformes actuelles de séquençage à haut débit (2). De plus, la surface de la cellule d'écoulement peut être fonctionnalisée par différents types de molécules comme par exemple des

oligonucléotides dans la technologie Illumina®. Ainsi, les molécules d'ADN à séquencer peuvent être isolées à raison de plusieurs dizaines (voire centaines) de millions par cellule d'écoulement, y être amplifiées *in situ* en clones moléculaires séquencés par la suite au moyen d'une réaction générant de la fluorescence (ou de la luminescence). En permettant le séquençage parallèle d'un très grand nombre de molécules d'ADN, ces technologies rendent possibles non seulement le séquençage de génomes entiers mais aussi l'analyse de l'ensemble du transcriptome cellulaire, conduisant à la révolution que l'on connaît aujourd'hui en Sciences de la Vie.

BIOLOGIE DIGITALE ET MICROFLUIDIQUE EN GOUTTES

Les technologies de séquençage introduites ci-dessus opèrent dans un mode d'analyse dit digital, c'est-à-dire où chaque molécule d'une population est isolée puis analysée individuellement. Ceci les distingue des méthodes d'analyse analogiques où l'ensemble des molécules (ou cellules) d'une population est analysé en une seule fois (Figure 1). Ainsi, alors que l'analyse analogique donne accès à une information correspondant à la moyenne des caractères d'une population, l'analyse digitale est quant à elle beaucoup plus précise et permet de détecter des caractères très minoritaires dans la population qui autrement passeraient totalement inaperçus. De ce fait, les technologies d'analyse digitale sont un outil de choix pour l'identification de variants minoritaires dans une population ainsi que pour la caractérisation de la variabilité des constituants de cette dernière. L'individualisation des objets biologiques (molécules ou cellules) peut non seulement se faire par capture sur une surface mais aussi, plus simplement, par isolement dans des microréacteurs. Au cours de ces dernières années, nous avons assisté à un très fort développement des technologies microfluidiques en phase discontinue, en particulier la microfluidique en gouttelettes (3) dans laquelle un milieu réactionnel (phase aqueuse) est dispersé dans une phase d'huile porteuse pour former, suivant l'application, des gouttelettes de quelques femto litres à plusieurs nano litres. Les réacteurs étant produits à raison de plusieurs milliers de gouttelettes de taille très homogène par seconde, cette technologie permet la réalisation d'expériences quantitatives et à ultra hauts débits (plusieurs millions d'analyses par jour). L'efficacité de cette technologie appliquée à la Biologie Moléculaire peut être illustrée par 3 développements susceptibles de conduire à de véritables ruptures technologiques : la PCR digitale en gouttelettes, l'analyse de l'expression des gènes sur cellules uniques ou encore les criblages à ultra hauts débits.

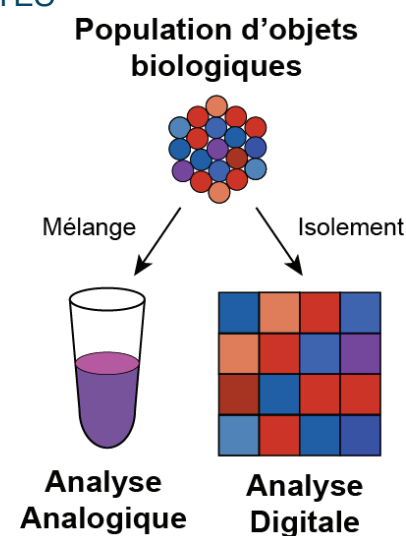


Figure 1.

Principe des analyses analogique et digitale.

Alors que dans une analyse analogique, tous les individus d'une population d'objets biologiques sont mélangés et analysés ensemble, dans une analyse digitale ces objets sont tout d'abord individualisés puis analysés un à un.

i / PCR DIGITALE EN GOUTTELETTES

Du fait de sa sensibilité et de sa facilité de mise en œuvre, la PCR quantitative (qPCR) est aujourd'hui un des modes privilégiés de quantification des acides nucléiques. En effet, cette méthode permet, au moyen de sondes fluorescentes dédiées, d'établir rapidement le titre d'une solution en un acide nucléique donné pour peu que l'on dispose d'un standard interne ou d'une gamme d'étalonnage de référence. Ainsi, la qPCR est une approche analogique donnant accès à une concentration relative et sa précision est fortement dépendante de l'efficacité d'amplification des matrices titrées voire de la présence éventuelle d'inhibiteurs dans le milieu. Ces limitations peuvent cependant être dépassées en digitalisant la méthode, c'est-à-dire en isolant, amplifiant et en analysant une à une les matrices contenues dans l'échantillon (4). Pour ce faire, une approche directe consiste à diluer les matrices d'ADN dans un milieu de qPCR conventionnel (supplémenté en intercalant ou en sonde de qPCR) avant de disperser le mélange dans des gouttes d'eau dans l'huile au moyen d'un système microfluidique (Figure 2). A la dilution appropriée, seule une fraction des gouttes sera initialement occupée par une ou plusieurs molécules d'ADN. Les gouttelettes formées étant très stables, elles peuvent ensuite être collectées et thermocyclées sans que leur intégrité n'en soit compromise, garantissant ainsi le maintien du confinement de l'information. Enfin, les gouttelettes sont réinjectées dans un dispositif microfluidique où leur fluorescence est mesurée afin de déterminer si la gouttelette était initialement vide (goutte non fluorescente) ou occupée (goutte fluorescence) par une molécule d'ADN. Ainsi, sachant que la répartition des molécules d'ADN dans les gouttelettes suit une distribution de Poisson, la simple détermination de la fraction de gouttes occupées est suffisante pour établir très précisément la concentration absolue en matrice d'ADN de l'échantillon analysé sans nécessité d'utiliser un standard (5). Cette technologie de PCR digitale en gouttelettes (ddPCR) offre non seulement une très grande précision mais elle est également extrêmement sensible puisque ce second paramètre n'est limité que par le nombre de compartiments pouvant être analysés. Ainsi, par exemple, alors que les tests de détection de marqueurs du cancer colorectal sont limités par une sensibilité de quelques pourcents en qPCR, ils gagnent trois ordres de grandeur en sensibilité (passant à près de 1 pour 250.000) dans leur format ddPCR (6), créant ainsi une rupture dans les domaines du diagnostic et de la médecine personnalisée.

ii / ANALYSE DE L'EXPRESSION DES GÈNES SUR CELLULES UNIQUES

Plus récemment, l'analyse digitale d'acides nucléiques a été étendue à la caractérisation du transcriptome (plus précisément aux ARN polyadénylés) eucaryotes avec une résolution à la cellule unique et à raison de plusieurs milliers de cellules en parallèle (7-8). Cette approche innovante (notamment exploitée par la société 10x Genomics) consiste à injecter et à combiner sur une puce microfluidique les cellules à analyser, un agent de lyse et des billes présentant un

grand nombre de copies d'oligonucléotides possédant en 3' une séquence poly-dT précédée d'un code-barres unique (séquence identique pour tous les oligonucléotides d'une même bille mais différente entre chaque bille, Figure 3). La dilution des particules (billes et cellules) est ajustée de sorte à maximiser la co-encapsulation d'une bille avec une cellule. Une fois la gouttelette formée, les réactifs se mélangent, les cellules sont lysées et les ARN messagers sont capturés sur les billes via leur

queue poly-A. A nouveau, la stabilité des gouttes formées assure le maintien du confinement de l'information, une condition *sine qua non* pour atteindre la résolution digitale (cellule-unique) souhaitée. Les oligonucléotides de capture servent également d'amorces de transcription inverse permettant la conversion des ARN en ADNc porteurs du code-barres identifiant la cellule dont ils sont originaires. Les ADNc provenant des différentes gouttes (cellules) sont ensuite mélangés, une banque est préparée et analysée par séquençage à haut débit. Une analyse bioinformatique permet enfin de regrouper les ARN provenant d'une même cellule (partageant le même code-barres) et ainsi d'établir le profil d'expression génique de chaque cellule de la population. Comme cela a été le cas pour la ddPCR, ces approches d'analyse digitale de l'expression des gènes créent actuellement une rupture technologique, en particulier en biologie du développement et en oncologie.

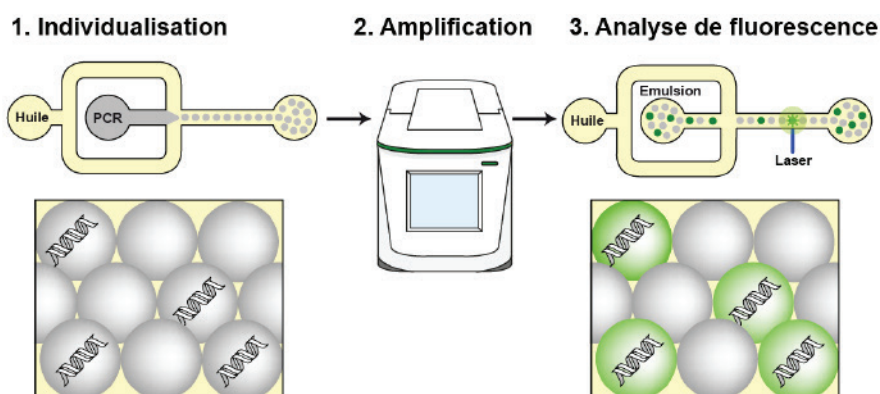


Figure 2.

Analyse par PCR digitale en gouttelettes (ddPCR).

Des matrices d'ADN sont tout d'abord diluées dans un milieu de PCR quantitative additionné d'un intercalant ou de sondes spécifiques. Puis le mélange est dispersé en microgouttelettes portées par une phase d'huile. La production de ces gouttelettes dans un dispositif microfluidique assure l'homogénéité de taille. Après thermocyclage, les gouttelettes initialement occupées par une matrice d'ADN deviennent fluorescentes (gouttelettes vertes) alors que les gouttelettes vides demeurent non fluorescentes (gouttelettes grises). La fluorescence de chaque gouttelette est enfin mesurée au moyen d'un dispositif microfluidique dédié, ce qui permet de déterminer précisément la fraction de gouttelettes occupées par une matrice d'ADN et ainsi de quantifier la solution de départ.

iii / CRIBLAGES À ULTRA HAUTS DÉBITS

La possibilité de générer des millions de micro-compartiments par heure rend également la microfluidique en gouttes extrêmement attractive pour des applications de criblage de banques de gènes ou de microorganismes (9). Dans ce contexte, notre équipe s'est spécialisée dans le développement et l'exploitation de plateformes microfluidiques dédiées à l'analyse digitale par criblage fonctionnel *in vitro* de banques de gènes codant pour des ARN ayant diverses fonctions (voir plus bas). Comme dans les exemples précédents, la résolution digitale est atteinte en confinant les milieux biologiques dans des gouttes d'eau dans l'huile très stables (Figure 4). Plus précisément, une expérience de criblage type débute par l'individualisation des différents gènes de la banque dans une goutte de milieu de PCR suivant le même principe utilisé en ddPCR (voir plus haut). Toutefois

ici, après thermocyclage, les gouttelettes sont réinjectées dans une puce où elles sont synchronisées et fusionnées une à une avec une gouttelette contenant un milieu d'expression *in vitro* (traduction et/ou transcription *in vitro*) avant d'être à nouveau collectées et incubées pour permettre l'expression des gènes en ARN (voire protéine suivant le milieu d'expression). De plus, l'ajout d'une molécule fluorogène (par exemple un co-facteur fluorogène d'aptamère (10-11) ou un substrat fluorogène de ribozyme (12)) soit directement dans le milieu d'expression (10-11), soit ajouté par la suite à l'aide d'une puce microfluidique dédiée (12), permet également d'évaluer le phénotype de chaque variant. Pour ce faire, les gouttelettes sont réinjectées dans une puce où leur fluorescence est mesurée et est utilisée pour trier les gouttelettes suivant le

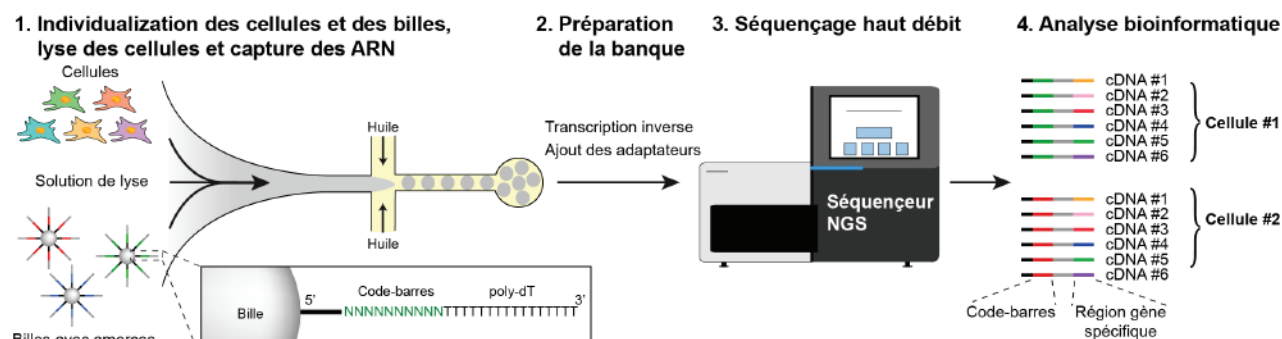


Figure 3.

Établissement du profil d'expression génique d'une population de cellules avec une résolution à la cellule unique.

Une suspension de cellules est combinée sur puce avec une solution de lyse et une suspension de billes présentant des oligonucléotides possédant un code-barres et une région poly-d(T). Après dispersion de la phase aqueuse combinée en microgouttelettes portées par une phase d'huile dans des conditions maximisant l'occupation d'une gouttelette par une cellule et une bille, les cellules sont lysées et les ARN capturés par les billes. Après transcription inverse des ARN en ADNc et ajout d'adaptateurs de séquençage, les banques sont analysées par séquençage à haut débit. Finalement, une analyse bioinformatique permet d'identifier chaque ARN initialement capturé et de regrouper les ARN provenant de la même cellule à l'aide des code-barres.

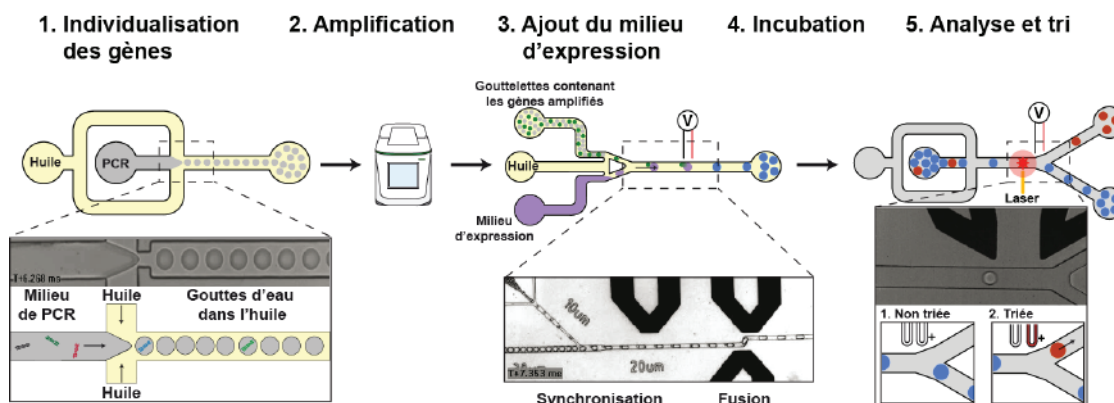


Figure 4.

Criblage à ultra hauts débits de banques de gènes..

Les molécules d'une banque de gènes (produite par exemple par mutagenèse d'un gène sauvage) sont individualisées dans des gouttelettes de milieu de qPCR puis amplifiées comme lors d'une ddPCR (voir Figure 2). Après amplification, l'émulsion est réinjectée dans un dispositif de fusion de gouttes où chaque gouttelette est synchronisée et fusionnée avec une gouttelette contenant un milieu d'expression *in vitro* (en violet). L'ajout au milieu d'expression d'un cofacteur ou d'un substrat fluorogène permet ensuite de quantifier le phénotype de chaque variant par mesure de la fluorescence des gouttelettes. Pour ce faire, les gouttelettes sont réinjectées dans un dispositif d'analyse et de tri où la fluorescence de chaque gouttelette est mesurée et utilisée pour trier les gouttelettes présentant un phénotype d'intérêt (gouttelettes rouges) et éliminer les autres (gouttelettes bleues).

phénotype du variant qu'elles contiennent. Les performances de cette technologie de criblage fonctionnel ont d'ores et déjà été validées par l'amélioration notable des performances d'ARN catalytiques (12) ainsi que de nombreux aptamères fluorogènes (par exemple Spinach (10) et Mango (11)). De plus, la récente intégration de ce procédé avec les technologies de séquençage à haut débit

et la bioinformatique en augmente drastiquement l'efficacité et permet aujourd'hui l'identification rapide et semi-automatisée de nouveaux ARN optimisés pour différentes fonctions, laissant entrevoir un vaste champ d'applications en imagerie, biotechnologies, développement de nouveaux médicaments et biologie de synthèse.

CONCLUSION

Les quelques exemples introduits ci-dessus laissent entrevoir l'impact concret qu'a aujourd'hui l'utilisation conjointe de la microfluidique et de la biologie moléculaire. De plus, le développement de telles technologies ne serait pas possible sans des apports de la chimie, de l'ingénierie et de l'informatique, soulignant d'autant plus l'importance de la pluridisciplinarité en science. D'autre part, il serait très réducteur de résumer la microfluidique aux applications en gouttelettes présentées ici. En effet, tout comme dans les autres disciplines, la microfluidique est subdivisée en différentes catégories, dont la microfluidique en gouttelettes, qui ne peuvent être traitées ici pour des questions de place.

Ces nouvelles technologies à haut débit n'en sont aujourd'hui qu'à leur commencement et il est fort probable que l'intégration future de nouveaux éléments et de nouvelles disciplines (par exemple les mathématiques et la biologie des systèmes) leur permettront de gagner encore davantage en rapidité et efficacité, ouvrant de nouvelles voies non seulement en sciences fondamentales mais également dans les domaines de la médecine et de la biologie de synthèse ; annonçant bel et bien une révolution d'ores et déjà en marche.

Références :

- (1) Tabeling P. *Introduction à la microfluidique* (2003), ISBN 2701135001.
- (2) Reuter JA, Spacek DV, Snyder MP. High-throughput sequencing technologies. *Molecular cell*. 2015; 58, 586-597.
- (3) Shembekar N, Chaipan C, Utharala R, Merten CA. Droplet-based microfluidics in drug discovery, transcriptomics and high-throughput molecular genetics. *Lab Chip*. 2016; 16, 1314-1331.
- (4) Vogelstein B, Kinzler KW. Digital PCR. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 1999; 96, 9236-9241.
- (5) Quan PL, Sauzade M, Brouzes E. dPCR: A Technology Review. *Sensors*. 2018; 18, doi:10.3390/s18041271.
- (6) Pekin D, Skhiri Y, Baret JC, Le Corre D, Mazutis L, Salem CB, Millot F, El Harrak A, Hutchison JB, Larson JW et al. Quantitative and sensitive detection of rare mutations using droplet-based microfluidics. *Lab Chip*. 2011; 11, 2156-2166.
- (7) Klein AM, Mazutis L, Akartuna I, Tallapragada N, Veres A, Li V, Peshkin L, Weitz DA, Kirschner MW. Droplet barcoding for single-cell transcriptomics applied to embryonic stem cells. *Cell*. 2015; 161, 1187-1201.
- (8) Macosko EZ, Basu A, Satija R, Nemesh J, Shekhar K, Goldman M, Tirosh I, Bialas AR, Kamitaki N, Martersteck EM et al. Highly Parallel Genome-wide Expression Profiling of Individual Cells Using Nanoliter Droplets. *Cell*. 2015; 161, 1202-1214.
- (9) Autour A, Ryckelynck M. Ultrahigh-Throughput Improvement and Discovery of Enzymes Using Droplet-Based Microfluidic Screening. *Micromachines-Basel*. 2017; 8, 128.
- (10) Autour A, Westhof E, Ryckelynck M. iSpinach: a fluorogenic RNA aptamer optimized for *in vitro* applications. *Nucleic acids research*. 2016; 44, 2491-2500.
- (11) Autour A, Jeng S, Cawte AD, Abdolazadeh A, Galli A, Panchapakesan SSS, Rueda D, Ryckelynck M, Unrau PJ. Fluorogenic RNA Mango aptamers for imaging small non-coding RNAs in mammalian cells. *Nature communications*. 2018; 9, 656.
- (12) Ryckelynck M, Baudrey S, Rick C, Marin A, Coldren F, Westhof E, Griffiths AD. Using droplet-based microfluidics to improve the catalytic properties of RNA under multiple-turnover conditions. *RNA*. 2015; 21, 458-469.

DATES

À retenir !

BOURSES

ET AIDES AU VOYAGE

Seront envoyés en janvier-février 2019 les appels d'offre pour les diverses bourses de voyage de la SFBBM et bourses Jean-Pierre Ebel.

► Pour plus ample information, veuillez consulter www.sfbbm.fr



RÉUNION DU GROUPE THÉMATIQUE ENSEIGNEMENT

23 mai 2019 à Paris

► Plus d'information sur : www.sfbbm.fr



THE 44TH FEBS CONGRESS

6-11 juillet 2019 à Cracovie (Pologne)

► Dates limites et informations sur <https://2019.febscongress.org>



PRÉCÉDÉ PAR LE YOUNG SCIENTISTS' FORUM

les 3-6 juillet 2019

► Informations disponibles sur <https://2019.febscongress.org/ysf-welcome>



Cotisation 2019

MADAME / MONSIEUR

NOM

PRÉNOM

ADRESSE PROFESSIONNELLE

Complète

ADRESSE PERSONNELLE

Complète

TÉLÉPHONE PROFESSIONNEL

COURRIEL

TÉLÉPHONE PERSONNEL

COURRIEL PERSONNEL

(indispensable pour la diffusion d'informations actualisées et la réception de Regard sur la Biochimie)

	personne physique *		personne morale**
	avant le 20/02/2019	après le 20/02/2019	(bon de commande)
TARIF de base	70 €	80€	100 €
TARIFS réduits avec justificatif obligatoire			
Jeune chercheur (- 35 ans) justificatif d'âge	35 €	40 €	60 €
Étudiant (- 30 ans) carte d'étudiant, justificatif d'âge	20 €	25 €	50 €
Retraité	45 €	50 €	

* Entourez le montant correspondant à votre cotisation.

** La cotisation personne morale s'applique au **membre qui fait acquitter sa cotisation par un organisme public ou privé par bon de commande, chèque ou virement.**La cotisation étant nominative, il est **important de mentionner le nom et prénom de la personne qui cotise.**

Règlement

- Chèque bancaire à l'ordre de la S.F.B.B.M.
- Bon de commande. N°SIRET : 784 281 818 00038
- Virement à la BANQUE POSTALE
IBAN : FR25 2004 1000 0101 7482 6J02 025
BIC : PSSTFRPPPAR

Merci d'envoyer au secrétariat de la SFBBM votre fiche de cotisation remplie, accompagnée de votre chèque règlement.

SFBBM - Centre Universitaire,
45 rue des Saints-Pères - 75270 Paris cedex 06
courriel: sfbbm@sfbbm.fr - site web : www.sfbbm.fr



THE 44th
FEBS
CONGRESS

6-11 JULY 2019
Krakow, Poland

**FROM
MOLECULES
TO LIVING
SYSTEMS**

2019.febscongress.org