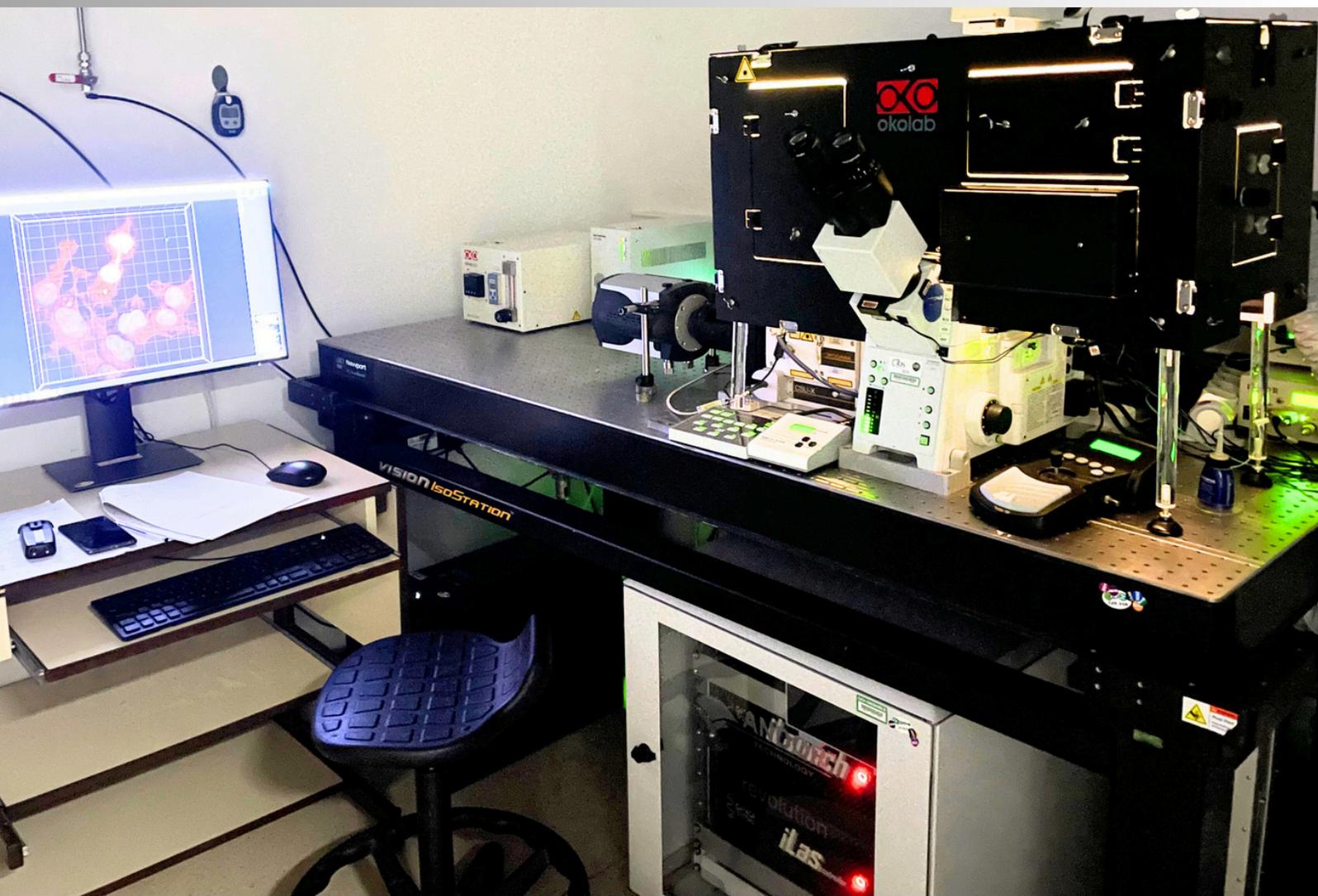
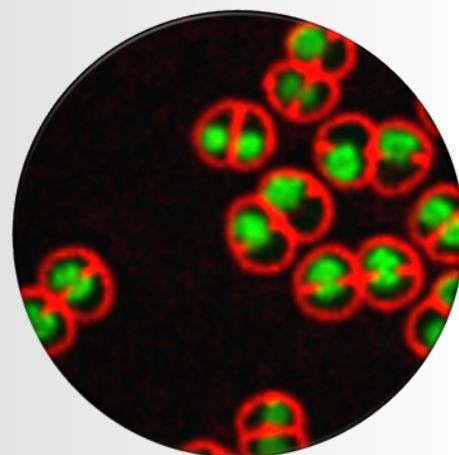
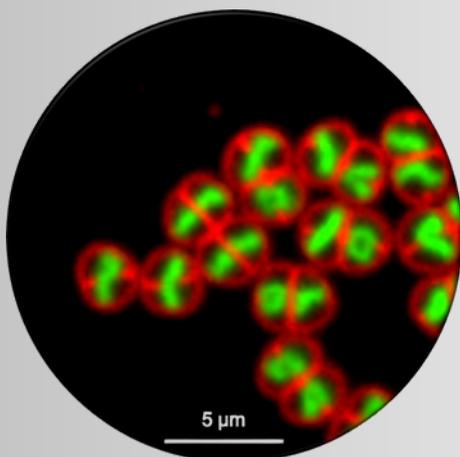
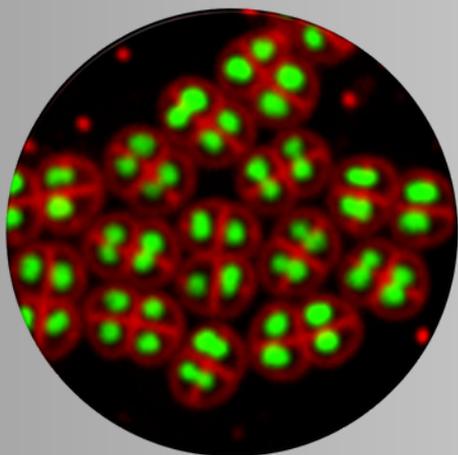




Lettre scientifique

HIVER 2024



EDITORIAL DE LA DIRECTRICE

Chers toutes et tous,

Nous voilà déjà à l'aube d'une nouvelle année.

Je vous souhaite une très belle année 2025 ! Qu'elle soit pleine de projets passionnants, de réussites, et surtout de bons moments, tant dans votre vie professionnelle que personnelle. Je vous souhaite une année épanouissante, riche en nouvelles opportunités.

L'année 2024 a été très riche pour notre institut Irig. Elle marquait ses cinq années d'existence, et je pense que nous pouvons collectivement être fiers de ce que nous avons construit. Cela a été rendu possible grâce à votre engagement et à votre passion pour faire avancer nos projets de recherche, accompagner les jeunes et les aider à grandir pour préparer leur avenir, ainsi que valoriser nos résultats auprès de la société, afin que notre recherche trouve sa place au service des grands défis de ce monde. Cette année encore, l'activité au sein de l'Irig a été très soutenue, et plusieurs succès marquent cette période. Citons, par exemple, de nombreux prix prestigieux décernés à plusieurs de nos chercheurs : certains récompensant des carrières riches et fructueuses, d'autres célébrant des étapes importantes encourageantes pour la suite.

L'an dernier, je vous faisais part de nos réussites dans le cadre des grands programmes France 2030, et notamment grâce à notre implication exceptionnelle dans les PEPR (Programmes et Équipements Prioritaires de Recherche) sur les quatre piliers thématiques de recherche de l'Irig (Biologie et Santé, Énergie et Environnement, Physique et Numérique, Cryo-technologies). Cette année encore, cette dynamique nous a permis de renforcer notre implication, avec de nombreux nouveaux succès, notamment dans les appels à projets des PEPR. Ces réussites témoignent de notre excellence reconnue, de notre rôle actif dans les réseaux nationaux et de notre capacité à innover.

L'année 2024 a également marqué le démarrage des programmes de recherche à risque pilotés par les organismes de recherche. La DRF, porteuse du programme pour le CEA, a lancé son programme *Audace !* qui soutient des projets structurants très ambitieux ainsi que des projets d'amorçage. Nous sommes fiers de voir trois de nos projets structurants récompensés : l'un sur le captage du CO₂, un autre sur les réseaux neuronaux pour le calcul IA à base de mémoires magnétiques, et le dernier sur l'instrumentation de pointe pour l'imagerie DNP. Bien d'autres sujets et succès ont marqué cette année 2024, dont plusieurs ont été présentés dans notre lettre scientifique.

En parallèle, cette année a vu des avancées significatives sur le chantier important de la QVCT (*Qualité de Vie et des Conditions de Travail*) notamment grâce à notre programme ambitieux de rénovation de notre patrimoine immobilier. Nous avons inauguré en septembre la fin des grands travaux du bâtiment 1005, avec une nouvelle magnifique façade. Le chantier de rénovation du C3 avance, un nouveau projet débute au D1, et nous allons poursuivre les étapes nécessaires de préparation pour la rénovation du C5.

L'année 2025 s'annonce déjà très riche. Elle sera particulièrement importante pour toutes les UMR du site, avec la préparation du dossier HCERES. Cette évaluation représente une étape marquante pour nos laboratoires : l'occasion de faire un bilan collectif des cinq à six dernières années et de se projeter vers l'avenir.



Je vous renouvelle mes vœux pour 2025, et je suis impatiente de partager avec vous nos réussites lors de notre assemblée générale du 14 mars.

Pascale BAYLE-GUILLEMAUD
Directrice de l'Institut de Recherche Interdisciplinaire de Grenoble



Comment les diatomées améliorent leur efficacité d'assimilation du CO₂

Giovanni Finazzi [LPCV](#) Laboratoire Physiologie Cellulaire & Végétale

Les diatomées sont des organismes océaniques très abondants qui contribuent à hauteur de 20 % à l'assimilation quotidienne du carbone à l'échelle planétaire. Cette fonction est assurée par leur pyrénioïde, une structure qui concentre l'enzyme Rubisco, qui assimile le CO₂ à l'intérieur de la PyShell, une barrière protéique qui règle les échanges gazeux avec le reste de la cellule. En concentrant la Rubisco dans un compartiment spécifique sans oxygène, le pyrénioïde augmente l'efficacité de l'assimilation du CO₂.

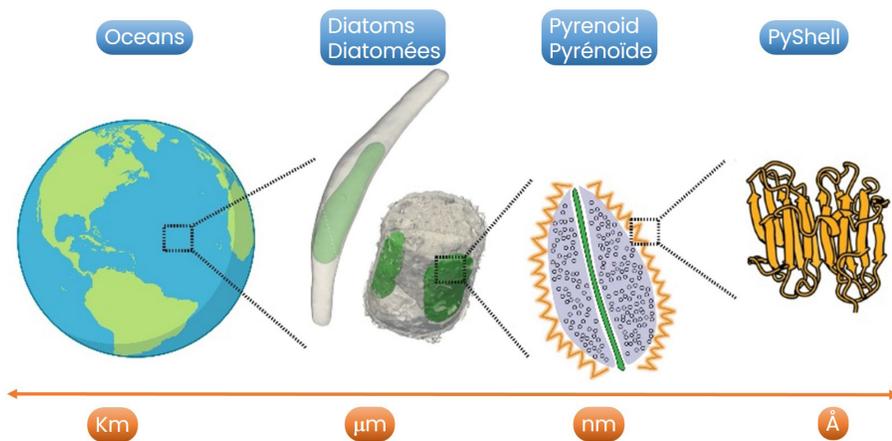
Malgré l'importance de ce processus, le mécanisme moléculaire permettant aux diatomées d'assimiler le CO₂ via leurs pyrénioïdes reste mal compris. Dans cette étude, un consortium français, japonais et suisse, a utilisé l'imagerie et la photophysologie pour caractériser l'assemblage des

protéines localisées à la périphérie du pyrénioïde des diatomées (la PyShell). En utilisant la cryo-tomographie électronique in situ (cryo-ET), la cryo-ET à particules uniques et la microscopie électronique à balayage à faisceau d'ions focalisés (FIB-SEM), les chercheurs révèlent que la PyShell est enfermée dans une gaine protéique en forme de treillis - au lieu d'une membrane lipidique. La perturbation de la gaine protéique PyShell par mutagenèse entraîne une structure pyrénioïde fragmentée, une photosynthèse nécessitant plus de CO₂ et une croissance cellulaire réduite. Les protéines PyShell recombinantes s'auto-assemblent en tubes hélicoïdaux, ce qui a permis aux chercheurs de déterminer une structure PyShell à une résolution de 3,0 Å et de

l'adapter à la structure in vivo. Globalement, la structure et la fonction de la diatomée PyShell offrent de nouvelles perspectives moléculaires pour comprendre comment le CO₂ est assimilé dans l'océan, un biome crucial pour atténuer le changement climatique. Les diatomées sont des organismes marins qui assimilent quotidiennement près de 20 % du carbone mondial. L'étude de leur pyrénioïde permet donc de mieux comprendre le mécanisme d'assimilation des gaz à effet de serre.

REFERENCE

Shimakawa G, Demulder M, Flori S, Kawamoto A, Tsuji Y, Nawaly H, Tanaka A, Tohda R, Ota T, Matsui H, Morishima N, Okubo R, Wietrzynski W, Lamm L, Righetto RD, Uwizye C, Gallet B, Jouneau PH, Gerle C, Kurisu G, Finazzi G, Engel BE and Matsuda Y. **Diatom pyrenoids are encased in a protein shell that enables efficient CO₂ fixation** [Cell](#) 2024



De l'océan à la diatomée © CEA



Prédire les mutations virales grâce à la simulation numérique

Luigi Genovese MEM Laboratoire Modélisation et Exploration des Matériaux

Les équations de la mécanique quantique sont utilisées pour décrire et prédire les structures et les propriétés des molécules. Cependant, jusqu'à présent, rares étaient les méthodes capables de calculer plus de quelques centaines d'atomes. Des chercheurs de notre institut ont développé une méthode de simulation QM-CR qui permet de simuler des milliers d'atomes en utilisant la mécanique quantique (QM) associée à une réduction de la complexité des degrés de liberté (CR). Dans cette étude, ils sont parvenus à simuler la structure électronique d'environ 13 000 atomes pour prédire et caractériser les liaisons des variants de la protéine spike du virus SARS-CoV-2 avec le récepteur humain haACE2.

Les chercheurs [**Collaboration**] ont comparé quatre variants de la protéine spike : Wuhan, Omicron, et deux variants basés sur Omicron. Pour évaluer leurs liaisons avec le récepteur haACE2, les scientifiques ont pris en compte la contribution énergétique des acides aminés, et ils ont simulé une projection de l'effet de certaines mutations pour chaque acide aminé. Cette étude a permis de comprendre de façon plus détaillée comment différentes mutations affectent l'interaction entre la protéine spike et le récepteur hACE2. De plus, les prédictions des simulations ont été validées en comparant l'efficacité des variants de la protéine spike à se lier avec des cellules exprimant hACE2 (voir **figure**).

Ces résultats sont d'autant plus remarquables car lorsqu'ils avaient été publiés en 2021, la mutation A484K supposée être impliquée dans la liaison avec ACE2 n'avait pas encore été identifiée par les laboratoires d'épidémiologie. Il aura fallu attendre 20 mois plus tard pour que cette mutation soit effectivement observée dans le variant BA.2.86, confirmant tout l'intérêt des simulations quantiques pour obtenir des prédictions très avancées.

Ce modèle de simulation quantique QM-CR a démontré sa capacité à identifier les mutations cruciales pour les interactions intermoléculaires. Cette méthode non seulement aide à comprendre les mécanismes sous-jacents des liaisons protéiques, mais peut également guider la conception de nouveaux traitements très spécifiques. Ce travail souligne l'importance des outils de modélisation avancés dans l'étude des interactions biologiques complexes et leur potentiel pour surveiller l'évolution des virus et concevoir des vaccins plus robustes.

Collaboration

- Boston College Department of Biology (USA)
- Harvard Medical School (USA)
- RIKEN Center for Computational Science (Japan)

REFERENCE

Zaccaria M, Genovese L, Lawhorn B, Dawson W, Joyal As, Hu J, Autissier P, Nakajima T, Johnson W, Fofana I, Farzan M and Momeni B.
Predicting potential SARS-CoV-2 mutations of concern via full quantum mechanical modelling.
[J. R. Soc. Interface](#) 2024

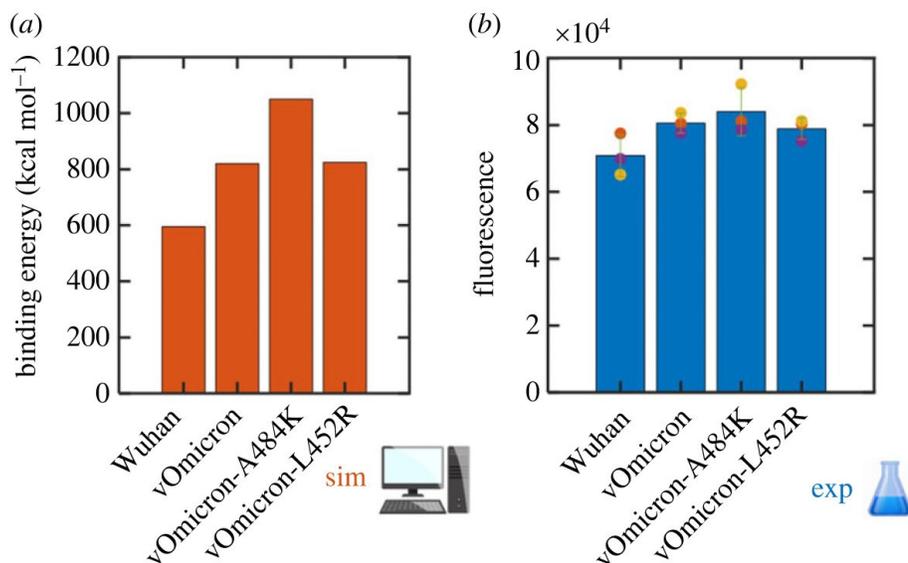


Figure : à gauche (en orange) la simulation quantique de la virulence des quatre variants du SRAS-CoV-2 est confirmée par les tests expérimentaux, à droite (en bleu).
© CEA



Dans les coulisses des usines à centres Fer-Soufre

Sandrine Ollagnier [LCBM](#) Laboratoire Chimie et Biologie des Métaux

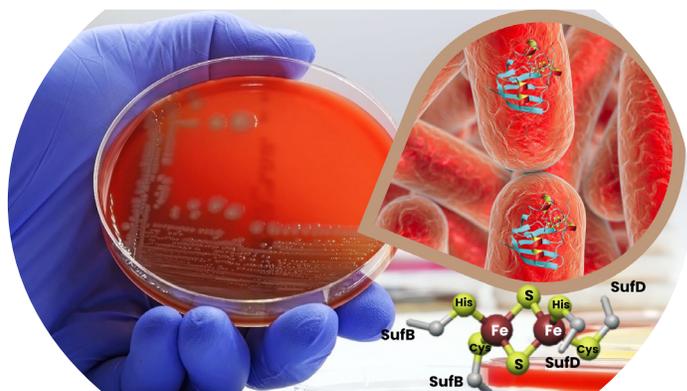
Les protéines contenant des centres fer-soufre (Fe-S) interviennent dans de nombreux processus cellulaires, tels que la réplication et la réparation de l'ADN, la respiration ou la photosynthèse. Leur importance réside dans leur polyvalence fonctionnelle, incluant le transfert d'électrons, la catalyse redox et non redox, la régulation de l'expression des gènes, et l'apport d'atomes de soufre. Ces clusters Fe-S ne se forment pas spontanément *in vivo* mais nécessitent pour leur assemblage des machineries multiprotéiques complexes, appelées « usines à Fe-S ».

Depuis longtemps, les chercheurs du CEA-Irig se concentrent sur la compréhension de ces machineries. Ces usines préforment les clusters Fe-S avant de les transférer vers les protéines cibles de la cellule, telles que les complexes respiratoires. La nature exacte et les ligands des centres Fe-S au sein de ces usines restent encore énigmatiques, malgré les progrès récents en biophysique et en génétique.

Dans cet article, les chercheurs [**Collaboration**] ont étudié l'usine à centres Fe-S SufBC₂D chez les bactéries. A partir d'un système purifié à l'état natif, ils ont caractérisé cette usine contenant des clusters Fe-S naturels. Grâce à des techniques de caractérisations biophysiques telles que la spectroscopie d'absorption X, la spectroscopie Mössbauer, la spectroscopie de résonance paramagnétique électronique et la spectroscopie d'absorption UV-visible, ils ont découvert que SufBC₂D contient principalement un cluster de type [2Fe-2S], et une espèce non identifiée, possiblement un cluster de type [3Fe-5S].

REFERENCE

Veronesi G, Pérard J, Clémancey M, Gerez C, Duverger Y, Kieffer I, Barras F, Gambarelli S, Blondin G and Ollagnier de Choudens S. **Multimodal Spectroscopic Analysis of the Fe-S Clusters of the as-Isolated Escherichia coli SufBC₂D Complex.** [Inorganic Chemistry](#) 2024



Etude de l'usine SufBC₂D dans la bactérie E. coli. © CEA

En analysant des variants de l'usine, les chercheurs ont identifié plusieurs acides aminés impliqués dans la coordination du cluster [2Fe-2S], impliquant une coordination à l'interface des protéines SufB et SufD. Cette étude apporte des informations nouvelles sur l'organisation moléculaire des clusters Fe-S dans l'usine SufBC₂D et soulève des questions sur la nature de la deuxième espèce fer-soufre observée, un sujet à explorer davantage dans le cadre de la biosynthèse des clusters Fe-S et de façon plus large dans celui de la chimie bioinorganique.

Ces travaux permettent de mieux comprendre les mécanismes de formation des clusters Fe-S *in vivo* dans la perspective d'ouvrir de nouvelles voies pour des applications biotechnologiques et médicales.

Collaboration

- IRIG/SYMMES
- Institut Pasteur
- Laboratoire Chimie Biologie, Marseille

Financements

- Projet ANR FeStreS (2012-2016)
- Projet ANR MASTIC (2023-2027)



De nouvelles perspectives sur l'organisation interne des cellules

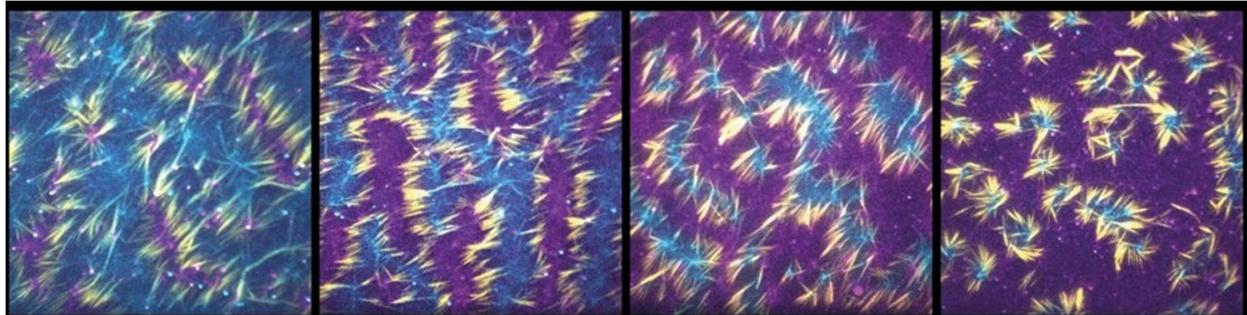
Manuel Thery LPCV Laboratoire Physiologie Cellulaire & Végétale

La morphogénèse regroupe l'ensemble des mécanismes qui induisent l'apparition de formes dans des systèmes initialement homogènes. Révélés par la chimie et la physique, ces mécanismes sont responsables de l'apparition de structures régulières en biologie. C'est une nouvelle morphogénèse qui vient d'être découverte en étudiant l'auto-organisation des microtubules.

En reconstituant un système *in vitro* avec des moteurs moléculaires dirigés vers les deux extrémités des microtubules, les chercheurs ont découvert que ces moteurs non seulement déplaçaient les microtubules, mais les alignaient en formant des « barrières ». Dans le même temps, ces moteurs se séparaient en domaines distincts, créant une structure à la fois ordonnée et dynamique où les microtubules et moteurs s'influencent mutuellement. Cette organisation est en constante évolution, pouvant changer de forme ou disparaître selon les forces en jeu. Une approche théorique a mis en équation l'équilibre nécessaire entre le transport et la diffusion des moteurs moléculaires, déterminant ainsi les conditions précises d'apparition des motifs réguliers, et a révélé qu'un

déséquilibre dans la concentration des moteurs, et donc dans les forces exercées sur les microtubules, empêchait la formation des motifs, provoquant un mouvement constant des microtubules. Il a également été identifié les conditions exactes où une légère variation de la concentration des moteurs faisait passer le système expérimental d'un mouvement permanent des microtubules à leur immobilisation soudaine, entraînant l'apparition de domaines alternés. À l'image de l'auto-organisation observée *in vitro* les microtubules s'alignent souvent dans les cellules avec des polarités orientées dans la même direction, et les moteurs de même polarité tendent à former des domaines plus concentrés en accord avec leur direction de déplacement.

Cette hypothèse pourrait remettre en question les modèles actuels des mécanismes par lesquels les cellules définissent leurs axes d'orientation. Ces travaux ouvrent ainsi de nouvelles perspectives sur l'organisation interne des cellules.



Superposition d'images obtenues par microscopie TIRF (imagerie par ondes évanescentes) permettant de visualiser les microtubules (jaune) et les deux moteurs moléculaires KIF5B (magenta) et NCD (cyan). De gauche à droite, les concentrations de KIF5B augmentent tandis que les concentrations de NCD diminuent. La densité des microtubules est d'environ 1 microtubule par μm^2 . © CEA

REFERENCE

Utzschneider C, Suresh B, Sciortino A, Gaillard J, Schaeffer A, Pattanayak S, Joanny JF, Blanchoin L and Thery M.
Force balance of opposing diffusive motors generates polarity-sorted microtubule patterns
[PNAS](#) 2024

Collaboration

- ESPCI
- CNRS
- Collège de France

Financements

- ANR Sharp
- ANR Sensation



La bactérie qui résiste à tout

[Joanna Timmins](#) IBS Institut de Biologie Structurale

Une équipe du CEA-Irig, parmi les rares chercheurs étudiant *Deinococcus radiodurans*, a révélé pour la première fois le processus de remodelage du nucléoïde de cette bactérie, grâce à des techniques de microscopie de fluorescence avancée. Ce remodelage est crucial pour sa résistance exceptionnelle aux conditions extrêmes comme les rayonnements ionisants et UV, ainsi que la sécheresse prolongée. Cette découverte enrichit notre compréhension des mécanismes de survie de cette bactérie unique.

Le remodelage du nucléoïde est une stratégie courante chez les bactéries pour protéger leur ADN face à des stress externes. Ce processus est principalement contrôlé par les protéines NAPs (Nucleoid Associated Proteins) qui interagissent avec l'ADN afin de compacter le génome. Cette compaction aide à préserver l'intégrité du matériel génétique en conditions défavorables.

Dans des études antérieures, les chercheurs de cette équipe ont montré que le nucléoïde de *D. radiodurans* était compact, mais néanmoins dynamique pour s'adapter à la morphologie de la cellule au cours du cycle cellulaire. Cette nouvelle étude examine l'impact de deux stress sur la

morphologie et l'état de compaction du nucléoïde : l'exposition aux rayons UV-C qui endommage le génome, et une carence nutritive entraînant une phase stationnaire qui limite la croissance. L'étude évalue également comment ces stress affectent la mobilité de la protéine HU, principale NAP du nucléoïde, afin d'évaluer comment elle interagit avec l'ADN.

L'étude montre que les stress nutritif et UV-C provoquent une compaction rapide du nucléoïde, mais par des mécanismes différents. La mobilité de HU diminue en réponse à la carence nutritive, tandis qu'elle augmente sous l'exposition aux UV-C. Après une phase de condensation rapide due aux UV-C, le nucléoïde se décompacte lentement, permettant à HU de retrouver sa mobilité normale et au nucléoïde de revenir à sa structure initiale, prêt pour la reprise de la croissance cellulaire.

Cette recherche a permis, pour la première fois, d'observer en temps réel le processus de remodelage du nucléoïde chez *D. radiodurans* grâce à des techniques avancées de microscopie de fluorescence. Cette observation directe enrichit notre compréhension des mécanismes de résistance de cette bactérie exceptionnelle.

REFERENCE

Vauclare P, Wulffélé J, Lacroix F, Servant P, Confalonieri F, Kleman JP, Bourgeois D and Timmins J.

Stress-induced nucleoid remodeling in *Deinococcus radiodurans* is associated with major changes in Heat Unstable (HU) protein dynamics
[Nucleic Acids Res](#) 2024

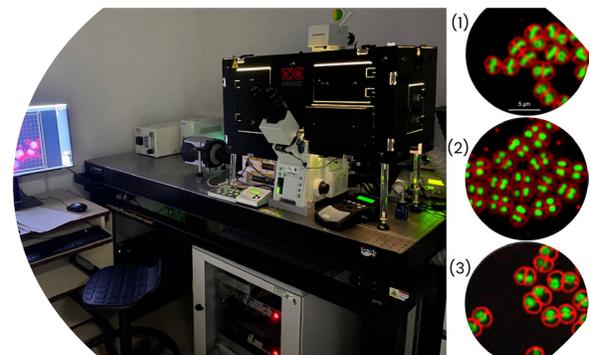


Photo du microscope. A droite, en incrustation marquages du nucléoïde en vert et de la membrane en rouge. © CEA
(1) Nucléoïdes normaux.
(2) Nucléoïdes compacts suite à une carence nutritive.
(3) Nucléoïdes compacts suite à une irradiation aux UV-C.



Un défaut immunitaire inattendu révélé par la COVID-19 chez les patientes incontinentia pigmenti

Marie Odile Fauvarque [BGE](#) Laboratoire Biosciences et bioingénierie pour la Santé

L'*incontinentia pigmenti* (IP) se manifeste par une inflammation cutanée dès la naissance, accompagnée de complications pouvant affecter divers organes tout au long de la vie, notamment les yeux, les dents, les os et le cerveau. Cette pathologie est causée par une mutation du gène NEMO (Nuclear Factor Kappa B Essential Modulator) localisé sur le chromosome X. NEMO joue un rôle clé dans la régulation de la réponse immunitaire et la survie cellulaire. Chez les patientes, la mutation est présente à l'état hétérozygote, ce qui signifie qu'une seule copie du gène est altérée. En revanche, l'absence fonctionnelle de NEMO chez les fœtus mâles est létale.

En 2020, il a été démontré que 15 % des patients gravement atteints par la COVID-19 expriment des auto-anticorps dirigés contre les interférons- α , des cytokines essentielles à l'immunité antivirale. La production de ces auto-anticorps est souvent liée à des prédispositions génétiques. Un consortium clinique international a étudié une cohorte de 131 patientes atteintes d'incontinentia pigmenti et a découvert, de manière inattendue, que 36 % d'entre elles expriment des anticorps anti-interférons- α . Une sensibilité accrue à la COVID-19 a également été observée dans cette population pendant la pandémie.

Les chercheurs du CEA-Irig ont développé un modèle murin génétiquement modifié reproduisant les caractéristiques de la maladie. Ces souris présentent un thymus anormal, un organe essentiel à la régulation de l'auto-immunité. Cette anomalie a également été observée chez des patientes atteintes d'incontinentia pigmenti ainsi que chez un fœtus mâle décédé portant la mutation NEMO.

Cette étude a révélé une fragilité insoupçonnée des patientes incontinentia pigmenti vis-à-vis des infections virales, nécessitant une attention particulière en cas d'épidémie. Elle démontre aussi une nouvelle fonction de la voie NF- κ B dans le développement et le fonctionnement du thymus.

Financement

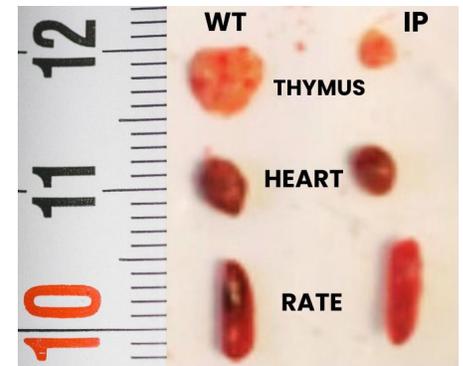
[La fondation Incontinentia pigmenti](#)

REFERENCE

Rosain J. et al.

Incontinentia pigmenti underlies thymic dysplasia, autoantibodies to type I IFNs, and viral diseases

[Journal of Experimental Medicine](#) 2024



Organes de souris âgées de 7,5 jours atteintes d'incontinentia pigmenti (IP). Les souris IP sont globalement plus petites que les souris contrôles, la réduction relative du poids et de la taille du thymus est encore plus prononcée, dépassant celle observée pour d'autres organes comme montré ici pour le cœur ou la rate.



SHARPER un spectromètre à neutrons français à l'Institut Laue Langevin

Quentin Berrod SyMMES Laboratoire Systèmes Moléculaires et nanoMatériaux pour l'Énergie et la Santé



Chambre de détection © CEA, ILL, Ecliptique

Des scientifiques du CEA-IRIG et du CEA-IRAMIS ont construit et exploitent SHARPER, un spectromètre neutronique à temps de vol installé à l'Institut Laue Langevin. Cet instrument permet d'étudier par diffusion inélastique des neutrons les processus dynamiques à l'œuvre dans la matière condensée. La modernisation du spectromètre IN6 en SHARP (Spectromètre Hybride Alpes Région Parisienne) puis en SHARPER (SHARP Etendu en Résolution) initiée par le Laboratoire Léon Brillouin en 2021, est maintenant terminée. Le nouveau spectromètre offre un meilleur taux de comptage avec une extension des gammes accessibles de résolutions, en énergie et de vecteurs de diffusion.

Le spectromètre à neutrons SHARPER répond aux besoins de communautés scientifiques variées, lui permettant de relever des défis sociétaux dans les domaines de l'énergie, de la santé, de la physique quantique et de l'environnement. Cet instrument permet de mesurer avec précision l'énergie des neutrons diffusés par la matière afin d'accéder à des processus dynamiques (excitation, processus de relaxation ou de diffusion) de l'échelle atomique à moléculaire. Le signal de diffusion quasi élastique des neutrons (QENS) donne par exemple accès à des

temps de corrélation et aux propriétés de transport ou encore à la géométrie des mouvements.

SHARPER offre des performances inégalées sur une large gamme d'échelles de temps et d'énergie. Cet instrument combine un flux de neutrons élevé et une résolution énergétique exceptionnelle jusque 50 μeV . Il se place au premier rang international pour étudier la dynamique complexe des matériaux. L'immense chambre de 23 m³ contenant 240 détecteurs de deux mètres de hauteur permet de déterminer précisément la position d'impact des neutrons et permet une définition optimale des spectres de diffraction. Cette chambre sous vide (10⁻³ mbar) permet de réduire considérablement le niveau bruit de fond.

Optimisé pour une grande diversité d'applications scientifiques, SHARPER établit une nouvelle référence dans l'étude du comportement des matériaux complexes. Par exemple, dans le domaine du stockage de l'énergie, la diffusion inélastique des neutrons met en évidence des mécanismes tels que la mobilité des ions et la dynamique du réseau d'atomes, pour l'optimisation des batteries et des systèmes de stockage de l'hydrogène (Fig. 1).

Dans le domaine des matériaux quantiques, les excitations à basse énergie provenant des vibrations atomiques et des interactions électroniques offrent des informations précieuses, essentielles pour l'informatique quantique et l'électronique de pointe (Fig. 2).

REFERENCES

- [1] F. Foglia, Q. Berrod et al. **Disentangling water, ion and polymer dynamics in an anion exchange membrane** *Nature Materials* 2022
- [2] Kellouai et al. **Free volume theory of self-diffusion in zeolites: Molecular simulation and experiment** *Microporous and Mesoporous Materials* 2025

Les premiers utilisateurs sont attendus en juin 2025. Un nouveau monochromateur est en cours de développement pour étendre la résolution en énergie et combler le gap temporel avec les spectromètres à rétrodiffusion.

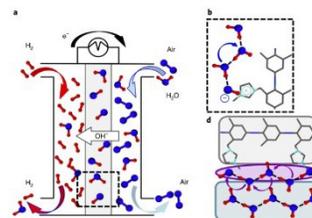


Figure 1 : schéma d'une pile à combustible à membrane échangeuse d'anion et son mode de fonctionnement. Croquis illustrant la membrane polymérique, la dynamique des ions et de l'eau. (adapté de Foglia, Nat. Mat.)

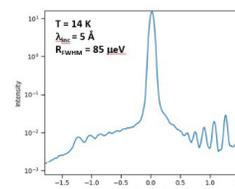


Figure 2 : excitations magnétiques à basse énergie du cluster de spin Mn₁₂ Acétate.



Vue extérieure du SHARPER © CEA, ILL, Ecliptique.

En vidéo

Sharper : un spectromètre « à temps de vol » opérationnel, site web CEA-IRAMIS

Financements

- Accord franco-suédois (CEA – CNRS – Conseil suédois de la recherche) pour la conception et la construction de spectromètres à neutrons, dans le cadre de la Source européenne de spallation (ESS).
- Programme 172 du Ministère de la recherche.
- Fédération de la Diffusion Neutronique (2FDN) pour le monte et baisse du puits échantillon.



Les microfils vibrent et montent dans les aigus

Julien Claudon *Pheliqs* Laboratoire PHotonique ELectronique et Ingénierie Quantiques

Actuellement, les chercheurs maîtrisent l'état quantique de divers atomes, qu'ils soient naturels ou artificiels. Peut-on étendre ce contrôle à un objet beaucoup plus massif, comme un résonateur mécanique ? La génération d'états quantiques du mouvement dans un oscillateur « macroscopique » répondra à des questions fondamentales et ouvrira la voie à de nouvelles applications, en lien avec les technologies quantiques de l'information. Pour atteindre cet objectif ambitieux, il est tentant de coupler le résonateur mécanique à un système de type atomique.

En collaboration avec des collègues de l'Institut Néel (Grenoble) et du laboratoire Lumin (Orsay) l'équipe a conçu un dispositif basé sur un microfil vibrant en arséniure de gallium contenant une boîte quantique en arséniure d'indium. Une boîte quantique est une nanostructure semiconductrice qui se comporte comme un atome. Elle présente en effet des niveaux d'énergie discrets et des propriétés optiques remarquables à température cryogénique.

Financements

- Union Européenne Programme Horizon 2020 Bourse Marie Skłodowska-Curie "QUDOT-TECH"
- Agence Nationale de la Recherche, projet "IPOD"

De plus, l'énergie de bande interdite d'un matériau semiconducteur est très sensible à la déformation du réseau cristallin. Ce mécanisme très simple couple fortement la longueur d'onde d'émission de la boîte quantique au déplacement du microfil. Les premières études ont exploité le mode de vibration fondamental du microfil, qui résonne en dessous du mégahertz et se comporte comme un oscillateur classique. Pour atteindre le régime quantique, il est nécessaire d'augmenter considérablement la fréquence mécanique, afin de minimiser l'impact du bruit thermique. En outre, ceci permettra un contrôle et une détection tout-optique du mouvement mécanique.

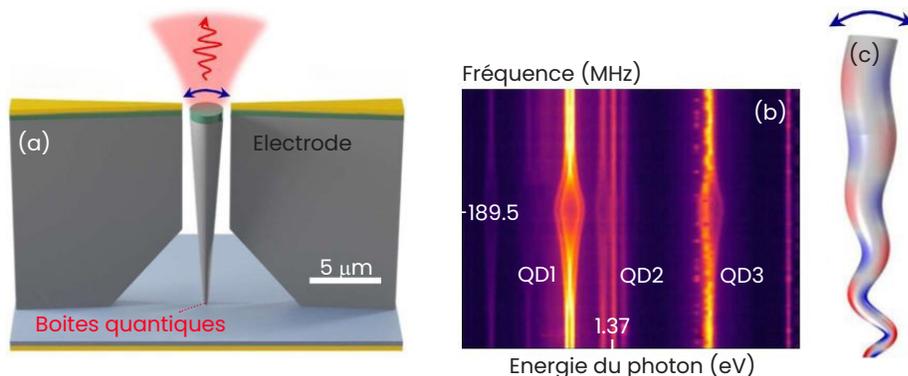
L'équipe a mis au point un nouveau dispositif pour explorer les résonances mécaniques à haute fréquence du microfil (**Fig. a**). Un ensemble d'électrodes intégrées sur puce applique une force électrostatique oscillante sur le microfil. La détection du mouvement est assurée par quelques boîtes

quantiques, dont on excite la luminescence grâce à un laser. Lorsque le fil vibre, la raie d'émission de chaque boîte quantique s'étale spectralement (**Fig. b**). Les expériences ont déjà révélé une résonance de flexion atteignant 190 MHz, soit mille fois plus que le mode fondamental. De plus, le couplage optomécanique à ce mode d'ordre supérieur atteint une valeur record.

Ces résultats ouvrent la voie à la génération optique d'états quantiques de mouvement et à la réalisation d'interfaces optomécaniques cohérentes. Ce sont les objectifs du projet ANR « ACOUSTIQS » qui implique les mêmes partenaires et sera lancé en 2025.

REFERENCES

- [1] R. Tanos, H. Tlili, Y. Curé, M. Finazzo, A. Artioli, S. Kotal, Y. Genuist, P. Verlot, J. Bleuse, J.-M. Gérard and J. Claudon **High-order nanowire resonances for high-frequency, large coupling strength quantum dot hybrid nanomechanics** *ACS Photonics* 2024
- [2] M. Finazzo, R. Tanos, Y. Curé, A. Artioli, S. Kotal, J. Bleuse, Y. Genuist, J.-M. Gérard, F. Donatini and J. Claudon **On-Chip Electrostatic Actuation of a Photonic Wire Antenna Embedding Quantum Dots** *Nanoletters* 2023



(a) schéma du dispositif.

(b) **Détection de la résonance de flexion** Lorsque le fil est immobile, chaque boîte quantique présente une raie d'émission très fine (la couleur indique l'intensité lumineuse). L'excitation d'une résonance mécanique (ici vers 189.5 MHz) conduit à un élargissement spectral. En raison de l'inhomogénéité de la déformation dans la section des boîtes quantiques, cet élargissement spectral varie d'un émetteur à l'autre.

(c) **Profil du mode de flexion F7**. La couleur représente la déformation locale (rouge : extension, bleu : compression)



Test automatisé basé sur la microscopie de fluorescence pour quantifier un signal biologique

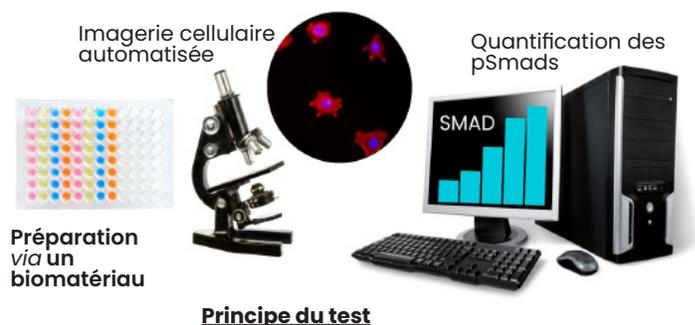
Catherine Picart Biosanté Laboratoire Biologie et Biotechnologies pour la Santé

Les protéines morphogénétiques osseuses (BMPs) et les facteurs de croissance transformants bêta TGF β jouent un rôle clé dans divers processus physiologiques et pathologiques, comme le développement des organes et les cancers. Le signal biologique induit par ces protéines se traduit par l'expression du facteur pSMAD dans le noyau des cellules. Généralement, cette activation de signal est mesurée par le test de Western blot, qui fournit une information moyenne pour l'ensemble des cellules.

Dans le but de suivre le signal biologique pSMAD pour chaque cellule et pour un grand nombre de conditions, nous avons développé un test basé sur la microscopie de fluorescence. Ce test automatisé permet d'analyser les images des cellules et de quantifier individuellement le facteur pSMAD au sein de chaque cellule. Le test par immuno-fluorescence répond aux mêmes exigences que celles du test Western blot.

Nous avons réalisé une étude cinétique de l'activité de pSmad en réponse à son activation par les protéines BMP/TGF β , en utilisant des microplaques à 96 puits. Les protéines sont présentées soit directement en solution dans le milieu de culture, soit via un biomatériau déposé au fond de chaque puits. De plus, nous avons testé des médicaments ciblant le signal biologique induit par les protéines BMP/TGF β .

Cette technique d'imagerie pourra être appliquée à l'étude d'autres signaux biologiques au sein des cellules, en réponse à des stimulations par diverses protéines jouant un rôle physiologique ou pathologique.



REFERENCE

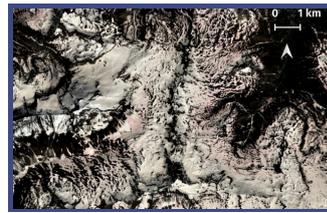
Khodr V, Clauzier L, Machillot P, Sales A, Migliorini E and Picart C.
Development of an automated high-content immunofluorescence assay of pSmads quantification: Proof-of-concept with drugs inhibiting the BMP/TGF β pathways
[Biotechnology Journal](#) 2024

Communiqués – Prix



Inauguration d'un cryo-microscope électronique de pointe dédié à la biologie

[Lire site Irig](#)



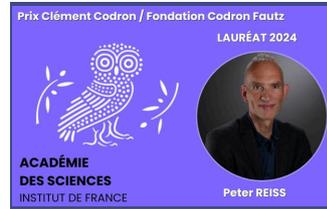
Le sang des glaciers cartographié par détection satellitaire

[Lire site Irig](#)



Le programme Cryonext est dédié aux technologies quantiques

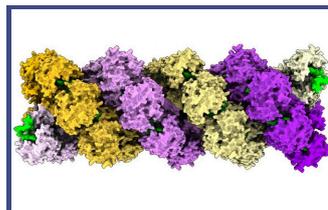
[Lire site Irig](#)



Prix Clément Codron / Fondation Codron Fautz
LAURÉAT 2024

Peter Reiss lauréat 2024 du Prix Clément Codron

[Lire site Irig](#)



Cibler le génome du virus de la grippe à travers le manteau de protéines

[Lire site Irig](#)



Prix Docteur Henri Labbé et Mme Henri Labbé
LAURÉAT 2024

Yvain Nicolet – Lauréat 2024 du Prix Dr Henri Labbé et Mme Henri Labbé

[Lire site Irig](#)

Autres résultats scientifiques des laboratoires



Une classification unifiée des tissus adjacents aux tumeurs permettra d'accélérer les recherches sur le cancer

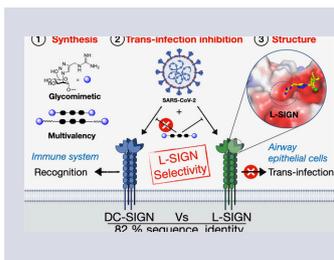
[Lire site Biosante](#)



Quasiparticule piégée dans une jonction Josephson

Mécanique quantique des jonctions supraconductrices empoisonnées

[Lire site Pheliqs](#)



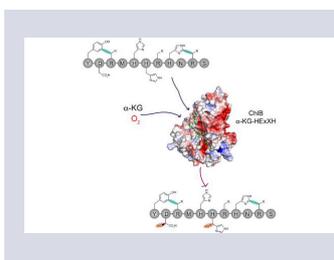
Développement d'un antagoniste spécifique d'un des deux récepteurs de lectine des virus Ebola et SARS-CoV-2 : exploitation d'une différence d'un seul acide aminé dans le site actif

[Lire site IBS](#)



Dai Aoki prix Nishina Memorial 2024

[Lire site Pheliqs](#)



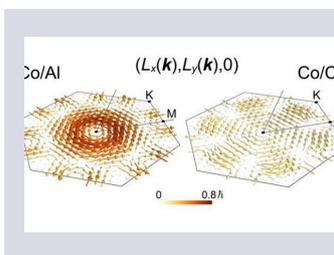
Découverte d'une nouvelle oxygénase α KG-HEXXH fusionnée à une protéine à radical SAM pour coupler la formation de cyclophanes et de β -hydroxylation de peptides

[Lire site IBS](#)



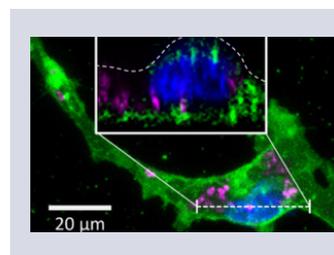
|Hop> le Jeu Quantique

[Lire site Pheliqs](#)



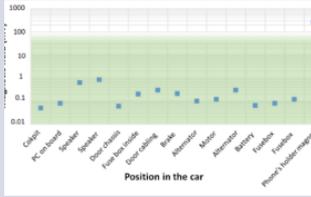
Large chiral orbital texture and orbital Edelstein effect in Co/Al heterostructure (en anglais uniquement)

[Lire site Spintec](#)



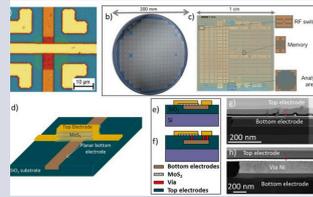
Substrate softness-dependent vortex microdiscs induced cytotoxicity (en anglais uniquement)

[Lire site Spintec](#)



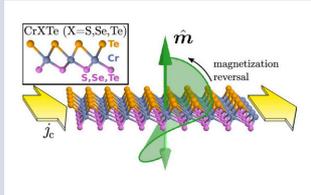
Impact of external magnetic field on Spin Transfer Torque magnetic memory operation (en anglais uniquement)

[Lire site Spintec](#)



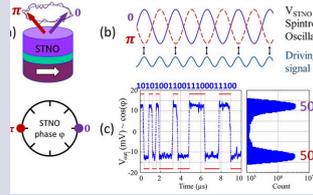
Development and optimization of large-scale integration of 2D material in memristors (en anglais uniquement)

[Lire site Spintec](#)



Field-Free Spin-Orbit Torque Switching in Janus Chromium Dichalcogenides (en anglais uniquement)

[Lire site Spintec](#)



Thermal noise, binary phase states and how this can be used for data encryption (en anglais uniquement)

[Lire site Spintec](#)

Biosciences et
Bioingénierie
pour la Santé

Unité Inserm
CEA-Inserm-UGA
www.BGE-lab.fr

Biologie et
Biotechnologie
pour la Santé

UMR
CEA-Inserm-UGA
biosante-lab.fr

Chimie et
Biologie des
Métaux

UMR
CEA-CNRS-UGA
www.CBM-lab.fr

Institut de
Biologie
Structurale

UMR
CEA-CNRS-UGA
www.IBS.fr

Modélisation
et Exploration
des Matériaux

UMR
CEA-UGA
www.MEM-lab.fr

Photonique
Électronique et
Ingénierie Quantiques

UMR
CEA-UGA
www.pheliqs.fr

Physiologie
Cellulaire &
Végétale

UMR
CEA-CNRS-UGA-INRAE
www.LPCV.fr

Département des
Systèmes Basses
Températures

UMR
CEA-UGA
www.d-SBT.fr

Spintronique
et Technologie
des Composants

UMR
CEA-CNRS-UGA-G INP
www.Spintec.fr

Systèmes Moléculaires
et nanoMatériaux
pour l'Énergie et la Santé

UMR
CEA-CNRS-UGA
www.Symmes.fr

irig.cea.fr



Institut de recherche
interdisciplinaire de
Grenoble

CEA
38054 Grenoble cedex 9

Responsables

Pascale Bayle-Guillemaud
et Annie Andrieux

Directrice de la publication

Pascale Bayle-Guillemaud

Editeur et format électronique

Alain Farchi

Comité de rédaction

Quentin Berrod, Julien Claudon, Marie-Odile
Fauvarque, Giovanni Finazzi, Luigi Genovese,
Sandrine Ollagnier, Manuel Théry, Joanna
Timmins, Alain Farchi



Inserm

UGA
Université
Grenoble Alpes

INRAE