

Éditorial

Chères et Chers Collègues,

La lettre scientifique de l'Irig nous permet de terminer l'année 2020 en mettant la Science en avant, ce qui est très heureux. Les résultats qui y sont décrits viennent nous montrer, s'il en était besoin, que les équipes de l'institut ont tenu la barre durant la « tempête COVID ». Comme à notre habitude, nous découvrons à travers cette lettre des avancées dans des domaines si variés que la possibilité nous est offerte de surfer allègrement des skyrmions aux virus en passant par les plantes et les ultra-basses températures. Régalez-vous !!!

La COVID aura marqué l'année 2020 en transformant durablement notre vie professionnelle et notre vie familiale. Afin d'éviter une crise sanitaire encore plus grave, nos laboratoires et équipements ont été contraints de fonctionner au ralenti, voire de fermer. En attendant que le bénéfice d'une vaccination massive se fasse sentir, nous restons privés des gestes spontanés et quotidiens qui étaient autant de marques d'attention ou d'affection. Notre vie sociale souffre évidemment d'une telle situation. Même si chacun a su s'adapter, ce chamboulement est tout sauf anodin pour nos vies personnelles et pour la vie de nos structures de recherche. L'impact a été sensible pour l'IRIG qui est un institut jeune. La consolidation de l'institut nécessite en effet des échanges accrus, à la fois spontanés et provoqués, afin de permettre à chaque UMR d'aller au-delà de sa propre stratégie en saisissant les opportunités qui se présentent pour développer des projets interdisciplinaires pour lesquels l'IRIG se trouve particulièrement bien armé. Des initiatives seront rapidement proposées en 2021 par la direction de l'institut afin de créer de telles opportunités, notamment dans le cadre des inflexions qui ont été mises en place par le CEA en 2019 dans les domaines du quantique, de l'économie circulaire du carbone, des batteries, des organes sur puces et des innovations en santé dans les domaines du diagnostic et des approches thérapeutiques.

Le début de l'année 2021 sera marqué par les arbitrages qui seront rendus dans le cadre du CPER et des EQUIPEX+. Les financements attendus devraient permettre de soutenir l'innovation et de poursuivre le développement de plateformes instrumentales de pointe en Spintronique, en Biologie structurale, en Protéomique, en RMN et dans les domaines de la caractérisation des matériaux et de la gestion et l'analyse des données. Il s'agit donc d'un rendez-vous d'importance pour l'IRIG au vu de la place occupée par ces plateformes dans nos programmes de recherche. La rénovation des bâtiments sera par ailleurs une priorité forte en 2021. Bien que les montants des investissements nécessaires soient considérables, de nouveaux chantiers seront lancés. Il s'agit de projets qui porteront sur le long terme et pour lesquels la direction de la DRF et la direction du patrimoine du CEA nous accompagnent ; je tiens à les en remercier.

L'année 2021 est presque là ; elle va nous permettre de voir progressivement s'estomper tout ce qui a pu rendre difficile la période que nous avons traversée. Je souhaite que cette nouvelle année soit pour toutes et tous synonyme d'espoir et d'envie, qu'elle soit porteuse de nouvelles promesses et de réussite dans les travaux que vous mènerez.

Je vous souhaite un joyeux Noël et de belles fêtes de fin d'année !



Jérôme Garin, chef de l'Institut de recherche interdisciplinaire de Grenoble

Conception d'enzymes artificielles cristallines

Une métalloenzyme artificielle (ArM) est une construction hybride résultant de la combinaison d'un complexe synthétique inorganique et d'une macromolécule biologique (ADN ou protéine). L'ensemble forme un catalyseur éco-compatible qui fonctionne dans des conditions douces conformément aux principes de la chimie verte. Toutefois, il serait intéressant d'améliorer les propriétés de ces ArM dans le but d'élargir leur gamme de substrats (limitée notamment par la solubilité en phase aqueuse), d'augmenter le nombre de cycles catalytiques (limité par la stabilité des protéines dans le milieu oxydant) et d'élargir la diversité des réactions catalysées (accéder à des combinaisons de processus catalytiques). Une étape importante pour aller dans ce sens a été franchie en proposant ces catalyseurs sous une forme solide afin de réaliser une catalyse hétérogène (liquide-solide).

Contact : [Caroline Marchi-Delapierre](#)
CBM
Laboratoire Chimie et Biologie des
Métaux

C'est dans ce contexte que les chercheurs de l'Irig conçoivent des ArM afin de proposer de nouvelles méthodes de catalyse durable pour les réactions d'oxydation. Ils ont ainsi développé plusieurs systèmes remarquables basés notamment sur la protéine NikA à laquelle divers complexes synthétiques inorganiques de fer, de manganèse ou de ruthénium ont été ancrés. Cette enzyme, responsable du transport du nickel chez les bactéries, peut servir de support aux catalyseurs inorganiques conçus par les chercheurs. Ces derniers ont ainsi mis au point une version originale d'une ArM dans laquelle des cristaux de NikA ont été stabilisés par réticulation par la technique « *Cross-Linked Enzyme Crystals* » ou CLEC. Cette technologie permet d'améliorer la stabilité et le nombre de recyclages des catalyseurs tout en rendant possible l'élargissement des conditions réactionnelles utilisées (solvants, pH, températures). Après avoir défini les conditions de réticulation des cristaux d'ArM et s'être assuré qu'ils étaient stables dans des mélanges eau-solvant organique (de 4 à 70°C et en présence d'oxydants), leurs propriétés catalytiques ont pu être évaluées. Les chercheurs ont ainsi montré que ces catalyseurs hétérogènes présentent une meilleure efficacité que leurs homologues solubles en ce qui concerne la sulfoxydation des dérivés du thioglycolamide. En effet, les produits de cette réaction d'oxydation ont pu être obtenus avec une efficacité multipliée par 8 et en présence de très faibles quantités de catalyseur (0,1%). De plus, même limité à quatre, le nombre de recyclages montre que ces systèmes sont efficaces dans des conditions dures puisque l'oxydant utilisé, l'hypochlorite de sodium, est très agressif.

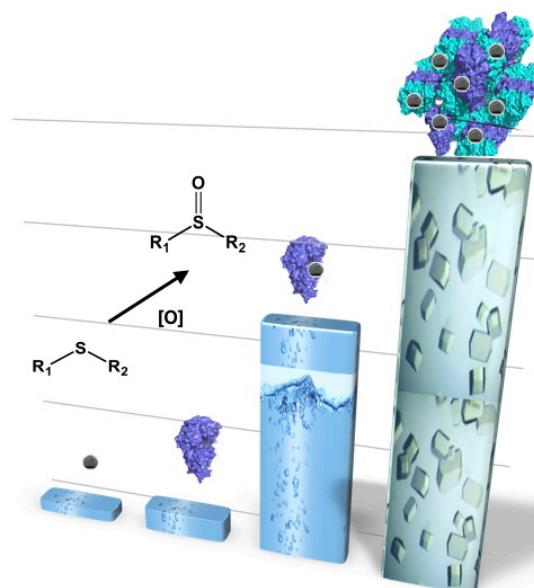
La grande originalité de ce catalyseur hybride solide est de permettre la stabilisation du site catalytique artificiel au sein du cristal de protéine, ceci en travaillant en milieu aqueux, en présence de faibles quantités de catalyseur, lui-même étant recyclé. La conception d'enzymes artificielles cristallines représente ainsi une alternative prometteuse aux enzymes solubles ou aux enzymes supportées pour l'avenir de la biologie synthétique.

Ce travail réunit à la fois la synthèse, la catalyse et l'étude cristallographique des protéines. Il résulte d'une collaboration entre deux équipes du laboratoire Chimie et Biologie des Métaux : l'équipe Chimie Bioinspirée et Environnement et l'équipe BioCatalyse.

Ce travail a été financé par l'**ANR CrystalBall** (financement d'un CDD et d'un post-doc) et par le **Labex ARCANE** qui a financé la thèse du Dr Sarah Lopez.

RÉFÉRENCE

Lopez S, Marchi-Delapierre C, Cavazza C and Ménage S. A selective sulfide oxidation catalyzed by heterogeneous artificial metalloenzymes Iron@NikA. Hot Paper, *Chemistry A European Journal*, 2020



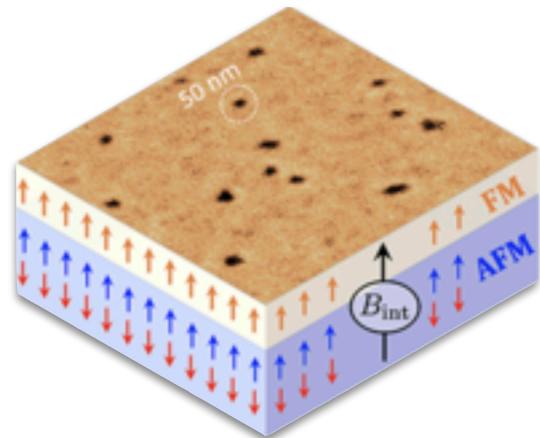
Un cristal CLEC-ArM est constitué d'hybrides NikA-FeL3 (FeL3 étant un complexe de fer avec un ligand coordinant le fer par deux atomes aminés et deux pyridines) réticulés avec du glutaraldéhyde. La stabilité des cristaux dans un mélange de solvants eau-acétonitrile-1-1 permet d'utiliser de nombreux substrats lipophiles et de tester différentes réactions d'oxydation, ici la sulfoxydation.

Des skyrmions magnétiques nanométriques à champ nul : un pas de plus vers les applications

Les skyrmions magnétiques fascinent actuellement de nombreux groupes de recherche dans le monde, car ils pourraient offrir une nouvelle façon de stocker et de traiter les informations à l'échelle nanométrique dans nos ordinateurs. Ces textures de l'aimantation de taille nanométrique sont composées de nano-aimants élémentaires (« spins ») qui s'enroulent pour former une structure en spirale stable, comme un nœud bien serré. Bien que prédictes dans les années 80, elles n'ont été observées pour la première fois qu'en 2009. Trois ans plus tard, deux équipes de recherche ont démontré que les skyrmions peuvent être manipulés par des courants électriques très faibles, ouvrant de ce fait la voie à leur utilisation comme supports d'informations dans les appareils informatiques. Plusieurs dispositifs de mémoire et de logique révolutionnaires basés sur la manipulation du skyrmion dans des nano-pistes ont ainsi été proposés. Ces dispositifs promettent une très grande densité d'informations et une faible consommation d'énergie. Cependant, ces applications restent encore lointaines car les skyrmions n'avaient été observés qu'à très basse température (environ 240 °C en-dessous de zéro) ou en présence de grands champs magnétiques et dans des matériaux exotiques loin de toute application.

En 2016, les chercheurs du laboratoire Spintec de l'Irig ont fait une découverte importante en démontrant l'existence de skyrmions magnétiques à température ambiante dans une couche très fine de cobalt de quelques atomes d'épaisseur, disposée en sandwich entre une couche de platine et une couche d'oxyde de magnésium.

Dans une nouvelle étude, les chercheurs ont fait un pas de plus vers les applications en démontrant que ces skyrmions peuvent être stabilisés en l'absence de tout champ magnétique appliqué, un avantage crucial pour les dispositifs. Plus encore, les skyrmions sont cinq fois plus petits que ceux précédemment décrits (jusqu'à 30 nm), ce qui permettra d'augmenter la densité d'information dans les mémoires. Pour arriver à ce résultat, les chercheurs ont utilisé un empilement dit à « polarisation d'échange », qui associe une couche antiferromagnétique à la couche ferromagnétique ultrafine portant les skyrmions. Ce type d'empilement n'est pas inconnu puisqu'il est déjà employé dans les mémoires magnétiques MRAM qui sont développées au laboratoire Spintec. Pour observer ces skyrmions très petits, les chercheurs ont fait appel à une technique innovante, la microscopie magnétique à centre NV (Nitrogen-Vacancy, ou centre azote-lacune), maîtrisée par l'université de Montpellier. Ces résultats sont prometteurs pour la réalisation de dispositifs de mémoire et de logique basés sur des skyrmions magnétiques.



Une image de skyrmions magnétiques stabilisés en l'absence de champ magnétique externe, obtenue par microscopie magnétique à centre NV. Le croquis en dessous de l'image illustre l'empilement de films ultrafin. Celui-ci est composé d'une multicouche magnétique Pt/Co/NiFe (FM) couplée à une couche antiferromagnétique IrMn (AFM). Le couplage d'échange entre les deux couches induit un champ magnétique interne (B_{int}) qui permet de stabiliser des petits skyrmions (50 nm en moyenne) en l'absence de champ magnétique.

RÉFÉRENCE

Rana KG, Finco A, Fabre F, Chouaib S, Haykal A, Buda-Prejbeanu LD, Fruchart O, Le Denmat S, David P, Belmeguenai M, Denneulin T, Dunin-Borkowski RE, Gaudin G, Jacques V and Boulle O. Room-temperature skyrmions at zero field in exchange-biased ultrathin films. *Physical Review Applied*, 2020

Contact: [Olivier Boulle](#)
[Spintec](#)

Spintronique et Technologie des Composants

Un nouveau modèle de la mécanique des cellules

Au niveau microscopique, chaque cellule présente une charpente interne, le cytosquelette, constituée de protéines spécialisées qui assurent la génération et la transmission des forces cellulaires à leur environnement. Parmi ces protéines, l'actine forme des filaments qui sont déplacés sous l'action de moteurs moléculaires appelés myosines, générant ainsi des câbles contractiles s'apparentant à des ressorts élastiques étirés entre deux points d'ancre. Bien que ces structures soient largement reconnues comme participant à la production de force à l'échelle moléculaire, le mécanisme par lequel les forces sont générées et réparties à l'échelle de la cellule demeure quant à lui inconnu.

Contact : [Laëtitia Kurzawa](#)
[LPCV](#)
Laboratoire Physiologie Cellulaire & Végétale

Afin de caractériser la production de forces dans ces câbles contractiles, des chercheurs de l'Irig ont procédé à leur coupure en réalisant une incision précise à l'aide d'un faisceau laser (Figure 1). Cette manœuvre a permis d'obtenir un résultat inattendu: la force cellulaire totale s'en trouvait à peine affectée, montrant ainsi que d'autres structures du cytosquelette étaient à l'œuvre pour produire et transmettre les forces au niveau de la cellule. Le faisceau laser a alors été utilisé pour générer des coupures au sein du réseau d'actine qui tapisse la membrane cellulaire, réseau jusqu'alors considéré comme passif. En modélisant ensuite la contribution de l'ensemble du réseau d'actine par des paramètres physiques, les chercheurs ont compris que c'est l'ensemble du réseau d'actine sub-membranaire qui produisait des forces et pas seulement les fibres de stress. En utilisant plusieurs techniques complémentaires permettant d'améliorer la résolution des images du cytosquelette, les chercheurs ont aussi découvert que les fibres de stress, loin d'être des structures isolées, étaient en réalité complètement enchevêtrées dans le réseau membranaire. Enfin, les chercheurs se sont intéressés à la formation des fibres de stress en réalisant des vidéos et ont ainsi mis en évidence qu'elles avaient une origine inattendue : la contraction et l'alignement des fibres le long de la membrane, expliquant ainsi leur incrustation dans ce réseau.

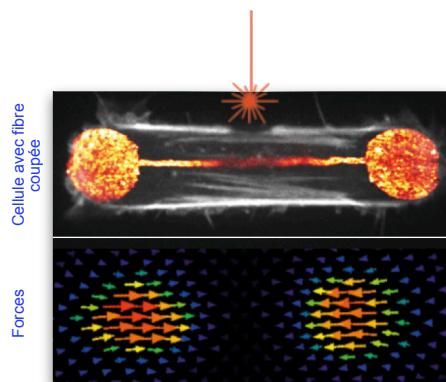


Figure 1 : Illustration montrant la coupure d'une fibre de stress dans une cellule épithéliale de rétine (en blanc dans l'image du haut) grâce à un laser (représenté en orange au-dessus de la fibre). L'image du bas représente les forces développées par cette cellule sur son support.

Ce travail a ainsi permis aux chercheurs de proposer un nouveau modèle d'assemblage des fibres de stress, selon lequel les points d'ancre des cellules à leur environnement extérieur dirigent la tension dans le réseau qui tapisse la membrane, ce qui aligne et concentre les filaments, et induit la formation des fibres de stress (Figure 2). Cette étude a par ailleurs permis de révéler l'existence d'une intégrité mécanique au sein de la cellule qui, bien que composée de multitudes de petits filaments, se comporte comme un objet unique entièrement connecté.

RÉFÉRENCE

Vignaud T, Copos C, Leterrier C, Toro-Nahuelpan M, Tseng Q, Mahamid J, Blanchoin L, Mogilner A, Théry M and Kurzawa L. Stress fibres are embedded in a contractile cortical network. *Nature Materials*, 2020

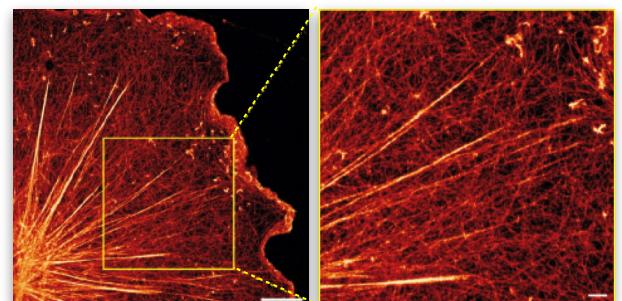


Figure 2 : Illustration de fibres de stress incrustées dans un réseau membranaire d'actine. Image du réseau d'actine d'une cellule gliale (cellule du système nerveux) réalisée en super-résolution montrant l'enchevêtrement des grosses fibres de stress avec le réseau d'actine membranaire environnant (image de droite = zoom de l'image de gauche).

Structure d'une enzyme clef de la réplication d'un virus pathogène humain

Les Bunyavirus sont des **virus à ARN simple brin de polarité négative segmenté (sNSV)** comprenant plusieurs agents pathogènes humains potentiellement mortels contre lesquels il n'existe actuellement aucun traitement (virus La Crosse, virus Hantaan, virus Crimée Congo, virus Lassa). La réplication et la transcription de leur génome constituent des réactions essentielles au cycle viral et sont catalysées par une enzyme virale clef : l'ARN polymérase ARN-dépendante. Bien que le mécanisme global d'initiation de la transcription soit probablement conservé entre les sNSV, plusieurs éléments suggèrent une certaine divergence entre les familles virales. Pour comprendre les mécanismes détaillés de la réplication et de la transcription, les structures de la polymérase complète capturées à différentes étapes de ces processus sont essentielles.

Des chercheurs de l'Irig, en collaboration avec le groupe du Dr Cusack de l'EMBL Grenoble, décrivent ici la structure de l'ARN polymérase complète du virus *La Crosse* obtenue par cryo-microscopie électronique à 3 Å de résolution, grâce à des données collectées sur les cryo-microscopes Glacios de l'IBS et Krios de l'ESRF. Cette structure révèle la position et l'organisation de la partie C-terminale de l'ARN polymérase qui comprend notamment le domaine de liaison de l'ARN coiffé nécessaire à l'initiation de la transcription. Deux états ont pu être visualisés, la pré-initiation et l'elongation. Ceci a notamment permis de mettre en évidence des changements de conformation nécessaires à la formation d'un ARN double-brin comprenant 10 paires de bases dans la cavité du site actif lors de l'elongation.

Les détails structuraux et la dynamique des éléments fonctionnels identifiés fournissent un aperçu mécanistique de la transcription des bunyavirus permettant de comprendre le fonctionnement de cette enzyme. Ces travaux fournissent une base solide pour la conception future d'inhibiteurs ciblant l'ARN polymérase.

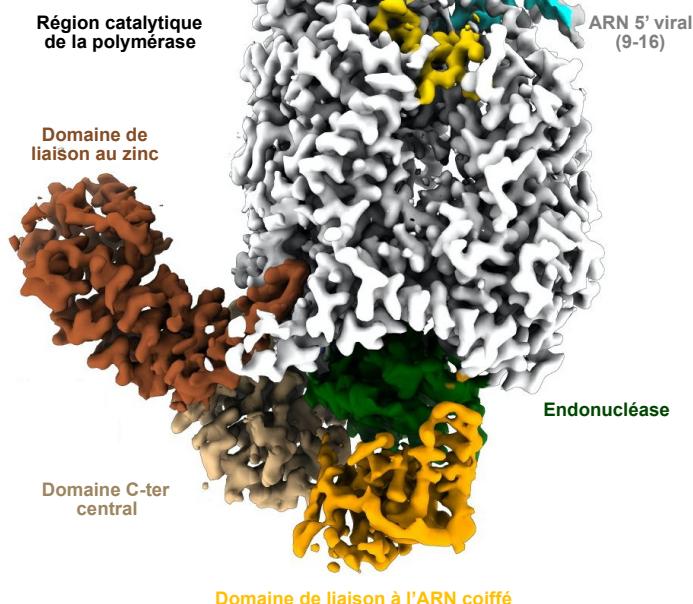
Virus à ARN simple brin de polarité négative segmenté (NSV) : virus possédant un génome divisé en plusieurs segments. Contrairement au génome humain qui est constitué d'ADN double brin, les segments du génome de ces virus sont constitués d'ARN simples brins. Ces ARN ont une polarité négative ce qui signifie qu'ils pourront être utilisés directement comme matrices par l'ARN polymérase pour la synthèse d'ARN messagers de polarité positive lors de la transcription.

L'encéphalite de La Crosse est une maladie virale transmise à l'homme par la piqûre d'un moustique. Bien que de nombreuses personnes infectées ne présentent aucun symptôme apparent, certaines développent une maladie neuro-invasive grave. Les maladies graves impliquent souvent une encéphalite et peuvent inclure des crises d'épilepsie, un coma et une paralysie. La maladie grave se manifeste le plus souvent chez les enfants de moins de 16 ans.

RÉFÉRENCE

Arragain B, Effantin G, Gerlach P, Reguera J, Schoehn G, Cusack S and Malet H. Pre-initiation and elongation structures of full-length La Crosse virus polymerase reveal functionally important conformational change. *Nature Communications*, 2020

Contact : [Hélène Malet](#)
[IBS](#)



Structure tridimensionnelle de l'ARN polymérase du virus La Crosse.

La DNP-RMN haute résolution accède aux ultra-basses températures

Disposer d'un instrument pour travailler à très basse température (< 100 K) est le vœu de nombreux chercheurs dans le domaine de la Résonance Magnétique Nucléaire (RMN). L'intérêt devient évident pour la **Polarisation Dynamique Nucléaire** (DNP), technique d'hyperpolarisation permettant d'augmenter la sensibilité d'une expérience de RMN de plusieurs ordres de grandeur. Cette approche RMN permet alors d'étudier avec une précision inégalée la structure et les défauts des systèmes amorphes ou cristallin, d'explorer la surface ou l'interface de systèmes complexes, biologique / organique / inorganique ou même hybride. Les domaines d'application sont très variés, du développement de matériaux fonctionnels innovants (catalyse, stockage, biomatériaux, etc.) à la compréhension de systèmes biomoléculaires complexes (protéine fibrillaire, protéine membranaire, etc.) *in vitro* aujourd'hui et à l'avenir *in cellulo*.

Contacts : **Éric Bouleau**

DSBT

Département des Systèmes Basses Températures

et

Gaël de Paëpe

MEM

Modélisation et Exploration des Matériaux

En associant les **compétences en cryogénie et en DNP de l'Irig**, des chercheurs de notre institut viennent de franchir un cap décisif dans cette quête des basses températures pour la RMN haute résolution et haute sensibilité. **Les équipes** ont mis au point un système expérimental novateur, composé de deux cryostats en tandem. Le premier, SACRYPAN, génère les flux d'alimentation cryogénique du second, PAVLOT, qui permet de réaliser des expériences de RMN/DNP à basse température. Ce dispositif «cryogen-free» imaginé à l'origine du projet, et ultime objectif des efforts de R&D engagés, permet de travailler sans hélium liquide pour un coût d'exploitation minime (quelques dizaines d'euros par jour). Côté performance, il s'agit de la machine la plus évoluée dans ce domaine capable d'atteindre une température minimale stabilisée de 35 K au niveau du porte-échantillon, quels que soient les débits engagés pour le mettre en rotation. Une nouvelle étape devrait être franchie sous peu avec l'arrivée de SACRYPAN II qui repoussera les limites de températures basses (< 25 K) jamais atteintes avec un instrument autonome en fluide cryogénique.

Ces développements ont débuté avec la mise au point par les chercheurs de l'Irig du cryostat **NUMOC N2** qui a démontré sa capacité à faire tourner un porte-échantillon avec de l'azote gazeux tempéré par de l'azote liquide (Figure 1). Suite à des évolutions majeures, NUMOC, devenu **NUMOC He**, a permis, dans sa première version dite «à fluides perdus», de franchir un cap supplémentaire en démontrant qu'il était possible de faire tourner un échantillon avec de l'hélium gaz dans la gamme de température 70 K-25 K (Figure 2). Dès lors, ce premier jalon a donné aux chercheurs de l'Irig une réelle visibilité dans le domaine de la recherche instrumentale pour la RMN. Par la suite, le cryostat NUMOC He a évolué vers une version II qui a permis de démontrer pour la première fois que la rotation d'un porte-échantillon à plusieurs kilohertz jusqu'à des températures inférieures à 10 K était possible. Des premières mondiales scientifiques ont pu ainsi être réalisées et publiées.

En parallèle de l'exploitation scientifique de ce cryostat, les équipes de l'Irig ont conçu et finalisé **SACRYPAN**, la

La **DNP** repose sur l'utilisation d'une source micro-onde permettant de transférer la polarisation du spin électronique de dopants paramagnétiques vers les spins nucléaires environnents et ainsi d'augmenter fortement le signal détecté par RMN. En combinant l'irradiation micro-onde à une rotation pneumatique rapide de l'échantillon (> 10 kHz) à température cryogénique < 100 K, on peut ainsi combiner l'accès à des spectres haute résolution dont la sensibilité est augmentée par plusieurs ordres de grandeur. Aucune offre commerciale ne permet d'accéder à ce régime aujourd'hui.

dernière version du système, cette fois-ci complètement autonome en fluide cryogénique (Figure 3). Chaînon indispensable de cette saga et condensé des savoir-faire du DSBT en cryogénie, la sonde ultra-basse température **PAVLOT** est en cours de développement, en partenariat avec la société Bruker, leader mondial sur le marché de la RMN (Figure 4). Dans le cadre de cette collaboration, les chercheurs de l'Irig avaient pour objectif de concevoir toute la partie cryo-mécanique sous vide de l'instrument tandis que l'équipe Bruker avait la charge de développer le système radiofréquence d'analyse de l'échantillon. La tâche des chercheurs fut complexe puisqu'il s'agissait d'intégrer le sous-ensemble du partenaire Bruker dans un cryostat ultra compact limité par la taille du trou de champ de l'aimant RMN. Un défi important a notamment été de développer des actionneurs mécaniques miniatures permettant un accord des fréquences de résonance de la sonde. Ces actionneurs assurent les transitions entre la boîte cryogénique renfermant le dispositif radiofréquence/module de rotation et l'enceinte à vide isolant l'ensemble, puis celles de l'enceinte à vide vers l'extérieur du cryostat. Le très haut niveau de performance thermique exigé imposait d'obtenir un vide poussé ne tolérant aucune fuite. Ces obstacles surmontés, il a été fait la démonstration du fonctionnement nominal de l'équipement tel que défini initialement au cahier des charges. La phase d'intégration du système radiofréquence Bruker qui débute permettra de réaliser le premier spectre DNP avec cet instrument.

Une décennie, 7 cryostats et pas moins de 7 bourses nationales et européennes (ANR, ERC, AGIR-PEPS, PTC, Bottom-up) ont été nécessaires pour avancer sur ce projet. Au bout de cette course de fond, c'est un instrument « cryogen-free » protégé par 7 brevets internationaux qui va permettre de faire de la DNP, en routine, et en toute autonomie de fluides cryogéniques.

Les équipes de l'Irig impliquées sont celles du Département des Systèmes Basses Températures (DSBT) et du laboratoire Modélisation et Exploration des Matériaux (MEM) en ce qui concerne les développements dédiés à la DNP.



Figure 1 : NUMOC N2

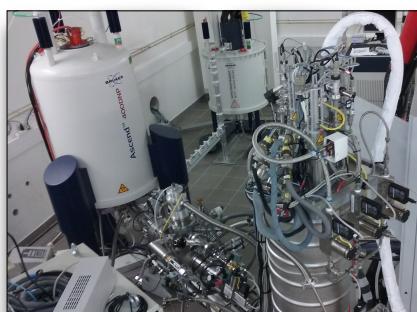


Figure 2 : NUMOC Hell @ PFNC



Figure 3 : SACRYPAN @ PNFC

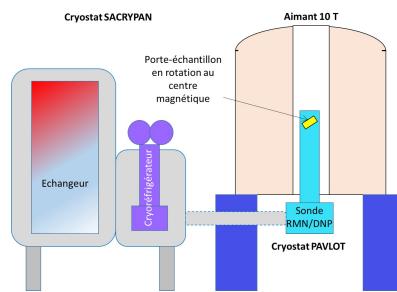


Schéma explicatif du dispositif



Figure 4 : La sonde PAVLOT sous l'aimant RMN

PAP8, agent double du verdissement des Angiospermes

Au cours des premières étapes de leur développement, les Angiospermes constituant la grande famille des plantes à fleurs, ne verdissent qu'en présence de lumière suivant un programme nommé photomorphogenèse. Les cellules de la feuille accumulent alors toutes les protéines nécessaires à la photosynthèse pendant la formation de chloroplastes matures, caractérisés par leur couleur verte. Ce développement du chloroplaste fonctionnel requiert l'expression de gènes portés par l'ADN du noyau et de gènes portés par l'ADN contenu à l'intérieur de l'organite. Il reste de nombreux mystères autour des mécanismes (moléculaires et génétiques) permettant de coordonner l'expression de ces deux génomes. Mais ces mécanismes sont essentiels, car ils permettent notamment d'utiliser les réserves de la graine de façon optimale selon que la jeune plantule est plus ou moins profondément enfouie dans le sol.

Contact : Robert Blanvillain
LPCV

Laboratoire Physiologie Cellulaire & Végétale

Chez la plupart des Angiospermes, l'ARN polymérase PEP du chloroplaste est un complexe protéique dont le cœur catalytique est codé par le plastide lui-même. La PEP s'associe à 12 protéines codées par des gènes nucléaires nommés PAP (PEP-Associated Proteins) dont l'expression est régulée par la lumière. En présence de ces PAP, les gènes chloroplastiques associés à la photosynthèse sont activés. PAP8 est une sous-unité essentielle de l'ARN polymérase car la perte de sa fonction conduit au syndrome létal d'albinisme (*Photographie*) avec un arrêt du développement des plastides qui sont alors incapables de verdir.

Dans cette étude, des chercheurs de l'Irig ont examiné la régulation et la fonction du gène PAP8 *in vivo*. Ils ont montré que la protéine PAP8, par des mécanismes méconnus, est localisée dans le noyau et dans le chloroplaste avec un rôle distinct dans les deux compartiments. Son absence perturbe la voie de signalisation nucléaire du **photorécepteur** PhyB. La plantule est moins réactive à la lumière, le programme de photomorphogenèse est suspendu alors que le programme antagoniste de développement à l'obscurité est maintenu. En se basant sur les **séquences d'adressage** de PAP8, les chercheurs ont généré des protéines artificielles, variantes « mono-localisées » soit dans le noyau, soit dans le chloroplaste permettant de montrer que les fonctions de PAP8 ne peuvent pas être découpées (aucune protéine variante ne permet de corriger complètement les défauts du mutant). Alors que dans le chloroplaste, PAP8 est associée à la PEP et reste indispensable au verdissement, sa fonction nucléaire semble quant à elle fortement impliquée dans la coordination de l'expression des gènes nucléaires avec celle des gènes chloroplastiques.

L'ensemble des données obtenues indique qu'un mouvement rétrograde (en référence aux signaux envoyés par les organites en direction du noyau) de la protéine PAP8 vers le noyau pourrait, avec d'autres protéines du complexe, réguler l'expression des gènes nucléaires en fonction de l'état des plastides et de leur capacité à produire les protéines de l'appareil photosynthétique, mécanisme décrit depuis la fin des années 1990 sous le terme de couplage génétique. De par sa double localisation, PAP8 représente une nouvelle composante de régulation qui relie la photomorphogenèse et la biogénèse des chloroplastes. PAP8 est donc un nouveau membre de la famille des protéines nucléoplasmodiales impliquées dans la biogénèse des chloroplastes.

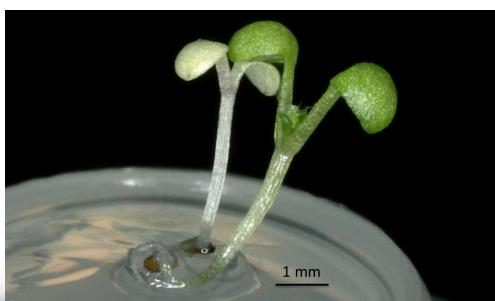
L'ARN polymérase PEP (Plastid-Encoded RNA Polymerase) du complexe de transcription plastidial est composée de 4 sous-unités codées par les plastides constituant le cœur catalytique de l'enzyme qui ressemble beaucoup à l'ARN polymérase des bactéries.

Les plantes supérieures contiennent plusieurs **photorécepteurs** qui lui permettent de s'adapter à des variations de la qualité de lumière incidente, mais aussi à des modifications d'intensité et de périodicité.

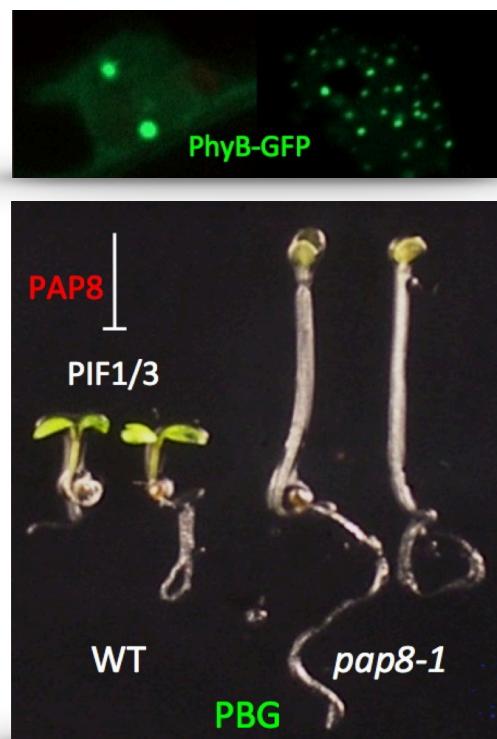
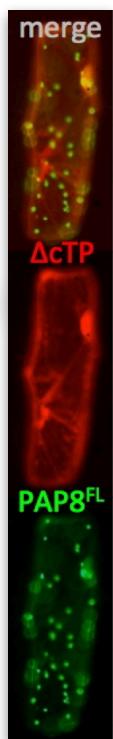
Une **séquence d'adressage** est une courte séquence protéique qui signale que la protéine synthétisée devra être adressée dans l'un des compartiments intracellulaires ou bien excrétée vers l'extérieur.

RÉFÉRENCE

Liebers M, Gillet FX, Abir I, Pounot K, Chambon L, Chieb M, Chevalier F, Ruedas R, Favier A, Gans P, Boeri Erba E, Cobessi D, Pfannschmidt T and Blanvillain R. Nucleo-plastidic PAP8/pTAC6 couples chloroplast formation with photomorphogenesis. *EMBO Journal*, 2020



Lorsque le gène PAP8 n'est pas exprimé, les plantules ont un phénotype albinos (plantule de gauche).



Photomontage réalisé par Robert Blanvillain illustrant quelques résultats clés portant sur la localisation de PAP8, l'analyse phénotypique du mutant, l'analyse de promoteur ainsi que l'analyse structurale de PAP8 et son interaction avec HMR/PAP5.

Une nouvelle stratégie de résistance chez les bactéries pathogènes

Pseudomonas aeruginosa (*Pa*) est une bactérie à Gram négatif considérée comme pathogène opportuniste, principalement retrouvée chez les patients immunodéprimés ou atteints de mucoviscidose. *Pa* est une cause majeure d'infections nosocomiales à l'origine de pathologies pulmonaires et urinaires, mais est également fréquemment isolée à partir du sang de patients atteints de bactériémies. Les infections sanguines causées par ce pathogène sont particulièrement mortelles par rapport aux septicémies associées à d'autres espèces bactériennes. Une fois entré dans la circulation, *Pa* doit faire face au système immunitaire inné du sang. Cependant les stratégies employées par ce pathogène afin de résister au **système du complément** et aux cellules phagocytaires n'ont jamais été étudiées dans le sang total.

Contact : [François Cretin](#)
BCI
Laboratoire Biologie du Cancer et de
l'Infection

Grâce à l'étude de la survie d'une collection de six souches de *Pa* dans le sang total humain, des chercheurs de l'Irig ont montré que la résistance à l'activité microbicide du complément constitue le principal moteur de la survie bactérienne. Les chercheurs ont également découvert que les bactéries sensibles au complément étaient capables d'éviter une éradication totale, grâce à la formation d'une sous-population dite « evaders » résistante à l'action lytique du complément. Suivant la souche étudiée, ces « evaders » représentent entre 0,0001 et 0,01 % de la population initiale. Ces cellules rares ont également été observées dans d'autres bactéries pathogènes opportunistes comme *Acinetobacter baumannii*, *Burkholderia multivorans*, *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* et *Yersinia enterocolitica*. Bien que génétiquement identiques au reste de la population sensible au complément, ces « evaders » développent une nouvelle stratégie leur permettant de perdurer dans le sang et ainsi de disséminer dans l'organisme, notamment en l'absence de traitements antibiotiques efficaces.

Les chercheurs ont de plus été en mesure d'identifier de nouveaux facteurs bactériens impliqués dans l'interaction entre *Pa* et le système du complément. Ils ont observé que des bactéries incapables de synthétiser certaines molécules essentielles comme la biotine (une vitamine) et les purines (constituant de bases des acides nucléiques) survivent mieux dans le plasma que la souche parentale. Ils ont également identifié un ensemble contigu de trois gènes (un opéron) dont les produits sont prédisposés comme étant localisés à la

membrane de *Pa*. La surexpression des protéines de cet opéron confère à la bactérie une survie accrue dans le plasma d'un facteur 1 000 par rapport à la souche sauvage, et induit une surproduction des **alginate**s chez cette dernière, suggérant l'existence d'une interaction complexe entre la membrane bactérienne, la sécrétion d'exopolysaccharides et l'action lytique du complément.

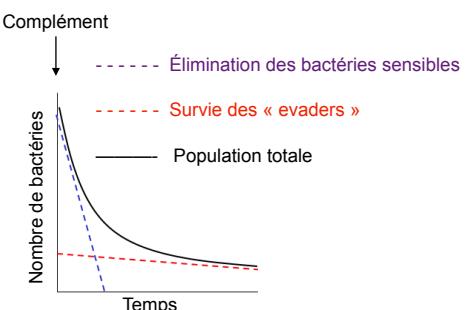
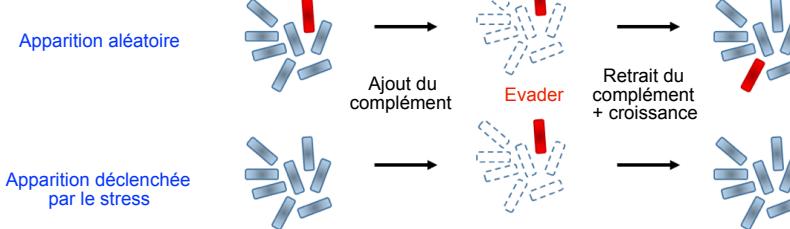
Le **système du complément** est un mécanisme de défense composé d'environ 35 protéines et faisant partie de l'immunité innée. Il agit soit par lyse bactérienne directe, soit par opsonophagocytose (phagocytose augmentée par le dépôt de l'opsonine C3b à la surface du pathogène puis prise en charge par des récepteurs spécialisés sur les cellules phagocytaires). L'action du complément contribue également à stimuler l'inflammation par production des protéines C3a et C5a.

Les **alginate**s sont des polysaccharides et constituent un composant important des biofilms produits par certaines bactéries pour se protéger ; biofilms très résistants aux antibiotiques et aux globules blancs.

Collaboration avec l'Université Libre de Bruxelles, Department of Molecular Biology, Cellular & Molecular Microbiology, avec le Centre Hospitalier Universitaire Grenoble Alpes, Laboratoire de bactériologie-Hygiène hospitalière, et avec le laboratoire TIMC-Imag, Grenoble INP.

RÉFÉRENCE

Pont S, Fraikin N, Caspar Y, Van Melderen L, Attrée I and Cretin F. Bacterial behavior in human blood reveals complement evaders with persister-like features. *PLOS Pathogens*, 2020



Deux mécanismes peuvent expliquer l'apparition des « evaders » :

- **mécanisme aléatoire** : aléatoirement, les bactéries subissent des modifications épigénétiques/phénotypiques dont certaines les prédisposent à une résistance accrue au stress induit par le système du complément (bactérie rouge). Quand le stress est appliqué, toutes les bactéries sauf celles ayant acquis ce phénotype particulier, sont éliminées. Lorsque le stress est supprimé, ces variants phénotypiques se divisent et génèrent une population identique à la population de départ composée majoritairement de bactéries sensibles et d'une faible proportion d'« evaders ».

- **mécanisme déclenchée par le stress** : l'application du stress par le système du complément induit l'apparition de modifications phénotypiques conduisant à une résistance accrue à ce stress. Toutes les bactéries, sauf celles ayant acquis ce phénotype particulier, sont éliminées lorsque le stress est appliqué. Quand le stress est supprimé, ces variants phénotypiques se divisent et génèrent une population identique à la population de départ, à savoir dépourvue d'« evaders ».

Vers la suprématie quantique sur un ordinateur portable

Pour qu'il soit utile, un ordinateur quantique doit être très difficile à simuler sur des ordinateurs traditionnels ; sinon il suffirait d'utiliser ces derniers. Un ordinateur quantique parfait, comme tout système possédant un nombre exponentiel de degrés de liberté, est incontestablement difficile à simuler dans la mesure où les ressources classiques nécessaires augmentent de manière exponentielle avec le nombre de qubits ou la profondeur du circuit (nombre d'opérations par qubit). Les embryons d'ordinateur quantique qui existent aujourd'hui ne sont cependant pas parfait, ils se caractérisent par une « fidélité » qui décroît de façon exponentielle avec le temps de calcul.

L'année dernière, Google a affirmé que son dispositif d'ordinateur quantique avait atteint la « suprématie quantique », en accomplissant en quelques minutes une tâche qui prendrait environ 10 000 ans au plus gros superordinateur classique. Des chercheurs de notre institut ont remis cette assertion en question. Au lieu de tenter de simuler un ordinateur quantique parfait, les chercheurs ont cherché à simuler un véritable dispositif quantique, dispositif qui souffre de décohérence et d'imprécision. Ils ont développé des algorithmes qui utilisent la compression d'états quantiques.

La compression d'états quantiques, un peu comme la compression d'image, permet d'accélérer la simulation de façon exponentielle en échange d'une perte d'information analogue à celle générée par la décohérence. Les chercheurs démontrent que la simulation d'un ordinateur quantique sur un ordinateur portable traditionnel donne des résultats similaires à ceux de l'expérience de Google, au moins pour certaines tâches. Leur algorithme est quelques milliards de fois plus rapide que l'algorithme de référence de Google.

Ces résultats suggèrent que les ordinateurs quantiques actuels ne possèdent qu'une infime partie de la puissance de calcul que posséderait l'ordinateur quantique parfait. Les auteurs concluent que, pour augmenter cette puissance, il est inutile d'augmenter le nombre de qubits. Il faut au contraire améliorer leur fidélité, une tâche extrêmement ardue pour laquelle il n'existe pas de méthode systématique.

RÉFÉRENCES

Zhou Y, Stoudenmire EM and Waingral X. What limits the simulation of quantum computers? *Physical Review X*, 2020 ViewPoint in *Physics* by Jordi Tura. Imperfections lower the simulation cost of quantum computers.

Contact : [Xavier Waingral](#)
[Phelips](#)

Photonique Électronique et Ingénierie Quantiques

Mise en évidence d'un nouveau rythme biologique

La synthèse des protéines et leur dégradation jouent un rôle majeur dans le fonctionnement de nos cellules. Elles maintiennent l'abondance des protéines au sein des cellules en permettant le recyclage des briques élémentaires (acides aminés), ce qui permet d'assurer des fonctions biologiques normales. L'abondance des protéines dans la cellule est régulée aux niveaux transcriptionnel, traductionnel et post-traductionnel, d'où sa complexité. L'une des voies de régulations dominantes de la dégradation des protéines intervient via le système **Ubiquitine-Protéasome** dont la dérégulation peut conduire à des pathologies aussi diverses et variées que des cancers, des désordres neuronaux... Cependant, la façon dont l'ubiquitination des protéines et leur cinétique de dégradation affectent la dynamique du réseau de protéines et le maintien de leur homéostasie (équilibre) n'est toujours pas bien comprise.

Contact: [Lamy Ghennim](#)
BGE

Laboratoire Biologie à Grande Échelle

En réalisant, par **imagerie sans lentille**, des mesures de la masse sèche (représentée principalement par les protéines) sur différents types de cellules humaines (Figure), des chercheurs de l'Irig ont révélé l'existence d'un nouveau rythme biologique. Ce rythme de nature ultradienne (inférieur à 24 heures) se manifeste entre deux divisions cellulaires successives. Il est important de noter que, grâce à l'imagerie sans lentille, ce rythme a pu être observé sur des populations de cellules « natives », c'est-à-dire non fluorescentes et non synchronisées. Ce nouveau rythme biologique, indépendant du rythme circadien, possède une périodicité de 4 heures et est insensible à la température, ce qui est une caractéristique des horloges biologiques. Les chercheurs ont montré que ce rythme était supprimé par des inhibiteurs du protéasome et n'était observé que dans les cellules en prolifération. Il reflète la dynamique périodique de la masse des protéines dans les cellules lors de leur croissance durant le cycle cellulaire.

Ces résultats suggèrent de nouvelles hypothèses stimulantes :

- En plus de la synthèse *de novo* des acides aminés nécessaires à la croissance cellulaire, le recyclage massif toutes les 4 heures des acides aminés présents dans les protéines cellulaires pourrait permettre l'adaptation de la cellule à des périodes de carence nutritionnelle ou à des changements micro environnementaux aigus, et ceci à faible coût énergétique.
- Il pourrait s'agir d'un moyen d'effacer et de réinitialiser toutes les 4 heures certaines modifications post-traductionnelles résultant des signaux du microenvironnement.

iii) Cette horloge pourrait faire partie d'un système de défense contre les agents pathogènes faisant intervenir leur dégradation massive et la génération d'antigènes de façon périodique, toutes les 4 heures.

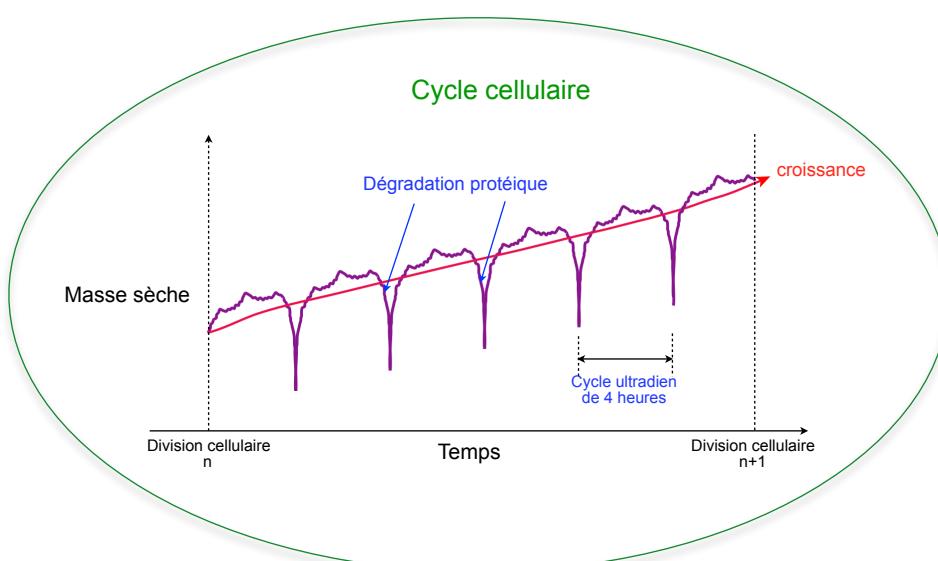
Ces résultats participent à la compréhension actuelle des horloges biologiques ultradiennes, du système Ubiquitine-Protéasome, de la régulation du cycle cellulaire, et pourraient potentiellement avoir de fortes implications dans le domaine de la santé.

Ubiquitine-Protéasome. Voie de dégradation des protéines caractérisée par deux événements séquentiels : le premier consiste en l'étiquetage des substrats destinés à être dégradés par un polymère de molécules d'ubiquitine ; le second est la reconnaissance puis la dégradation de ces substrats poly-ubiquitinés par un complexe enzymatique multiprotéique, le protéasome.

L'imagerie sans lentille autorise de façon simple et sans marquage, l'observation dynamique de la vie cellulaire, aussi bien à l'échelle microscopique que mésoscopique, sur un large champ de vue et sur des périodes de temps allant de quelques jours à plusieurs semaines.

RÉFÉRENCE

Ghenim L, Allier C, Obeid P, Hervé L, Fortin JY, Balakirev M and Gidrol X. A new ultradian rhythm in mammalian cell dry mass observed by holography. *Scientific Reports*, sous presse, 2021



Dynamique pulsatile de la masse sèche durant l'interphase du cycle cellulaire, superposée sur la croissance moyenne. Cette dynamique a été révélée par une analyse spectrale permettant de filtrer le bruit.

Étude quantitative du cycle cellulaire (croissance cellulaire et prolifération) par microscopie sans lentille à l'échelle de la cellule unique par observation de la cinétique de milliers de cellules en temps réel sur un large champ de vision (29,4 mm²), sur des durées pouvant aller jusqu'à plusieurs jours (plusieurs cycles cellulaires), et avec un taux d'acquisition rapide (5 minutes).

Du nano-oscillateur à transfert de spin, à l'analyseur de spectre à balayage de fréquences

Dans notre monde numérique et avec le développement rapide de l'Internet des objets et de l'électronique portable, la quantité de données transmises sans fil est en constante augmentation. Cela impose des débits de données de plus en plus élevés. Les technologies de la communication nécessitent donc le développement d'outils performants de mesure, capables d'une analyse spectrale rapide afin de mettre au point les éléments de base de la communication à haut débit entre objets connectés.

L'élément clef d'un analyseur de spectre est un oscillateur interne dont la fréquence peut être balayée via un signal de contrôle, variant linéairement pendant un temps T . Afin d'analyser un signal dont le contenu spectral peut changer rapidement dans le temps, il faut être capable de balayer la gamme de fréquence de cet oscillateur sur un temps T le plus court possible. Habituellement on utilise des oscillateurs contrôlés en tension (VCO, pour *voltage control oscillator*) qui ont des vitesses de balayage limitées ($T > 1$ microseconde) découlant des dimensions macroscopiques des composants utilisés. Des chercheurs de l'Irig travaillent sur des nano-oscillateurs à couple de transfert de spin ou STNO (Figure) dont la fréquence peut être balayée sur des échelles de temps en dessous de 100 ns, donc beaucoup plus courtes que le VCO.

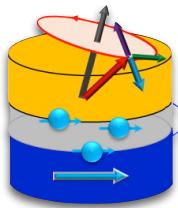
C'est grâce à leurs dimensions nanométriques, et aux propriétés non-linéaires de la dynamique de l'aimantation que l'on peut réduire drastiquement ce temps de balayage.

C'est la première fois que des chercheurs démontrent expérimentalement (Pour en savoir plus, voir encadré) que l'utilisation de tels STNO dans des analyseurs de spectre peuvent repousser les limites habituelles de vitesses de balayage. Les chercheurs ont également démontré qu'il est possible de résoudre plusieurs composantes de fréquence simultanément ou de suivre les changements rapides de fréquence d'un signal. Cela fait des analyseurs de spectre ultra-rapides basés sur les STNO une technologie très prometteuse qui leur ouvre un nouveau champ d'applications.

Contact : [Ursula Ebels](#)
[Spintec](#)

Spintronique et Technologie des Composants

Figure : Schématisation d'un nano-oscillateur à couple de transfert de spin (STNO). L'injection d'un courant, polarisé par la couche fixe (bleue), met en auto-oscillation l'aimantation de la couche libre (jaune). Les STNO sont des empilements de couches ferromagnétiques de quelques nanomètres d'épaisseur et de quelques dizaines de nanomètres de diamètres.

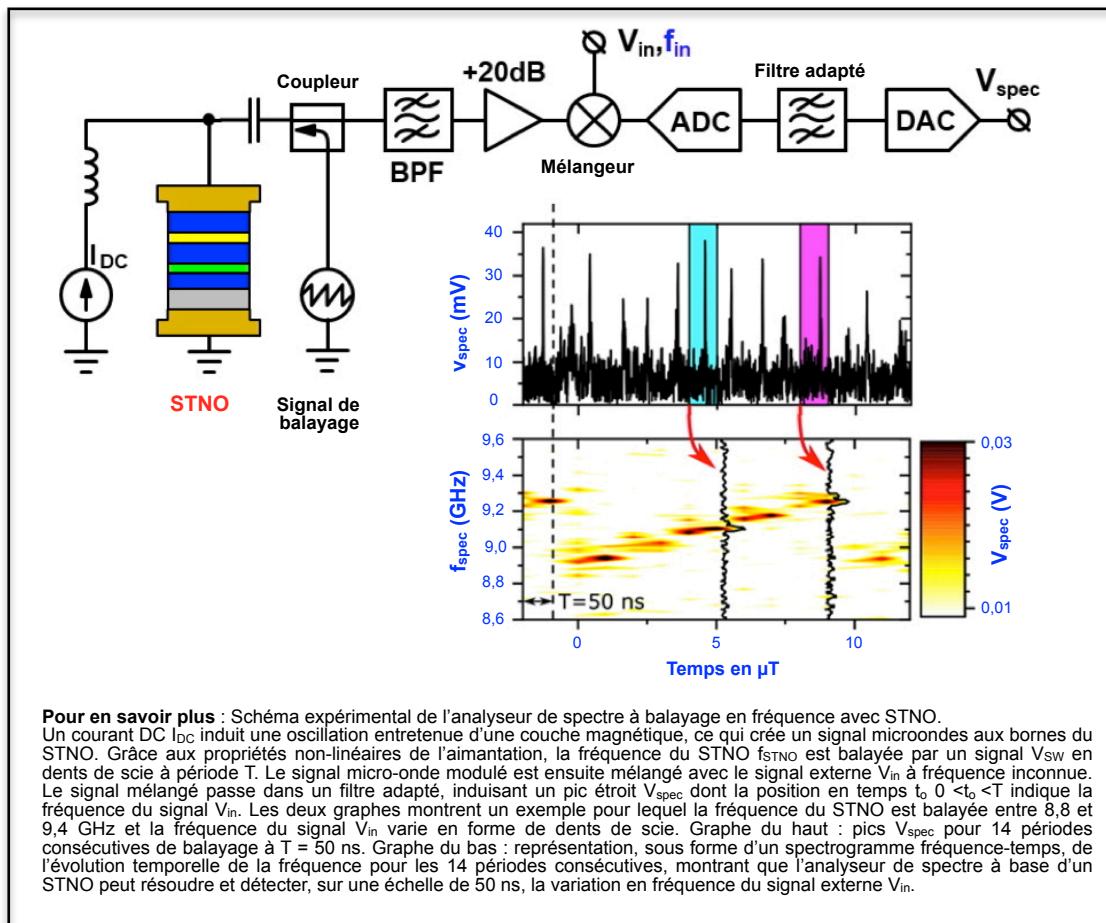


RÉFÉRENCE

Litvinenko A, Iurchuk V, Sethi P, Louis S, Tyberkevych V, Li J, Jenkins A, Ferreira R, Diény B, Slavin A and Ebels U. Ultrafast sweep-tuned spectrum analyzer with temporal resolution based on a spin-torque nano-oscillator. *Nano Letters*, 2020

Collaboration : Université d'Oakland, Rochester, USA & INL, Braga, Portugal.

Financement : ERC Magical.



Vers de nouveaux biomarqueurs du gaz moutarde

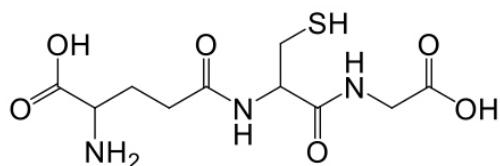
«Gaz moutarde»: une expression qui amène immédiatement des images apocalyptiques de la première guerre mondiale. Ce composé, connu aussi sous le nom d'ypérite, n'a cependant cessé d'être utilisé dans divers conflits, par exemple la guerre Iran-Iraq ou plus récemment en Syrie. C'est également une menace pour la population qui peut être en contact avec d'anciennes munitions ou qui pourrait être la cible d'attentats terroristes, l'ypérite étant relativement facile à synthétiser. Dans de tels scénarios, il est important de pouvoir évaluer la dose reçue par les victimes pour faciliter le diagnostic et le pronostic médicaux, ou pour établir la preuve d'une exposition. Pour ce faire, il faut disposer de biomarqueurs c'est-à-dire de réponses physiologiques ou de molécules quantifiables chez l'Humain. Des biomarqueurs d'exposition à l'ypérite sont déjà disponibles mais ils sont soit détectables pendant peu de temps soit nécessitent des protocoles fastidieux.

Contact : [Thierry Douki](#)
[SyMMES](#)

Système Moléculaires et nanoMatériaux pour l'Énergie et la Santé

Des chercheurs de l'Irig se sont attelés à la tâche d'étendre les possibilités d'évaluation de l'exposition à l'ypérite dans un projet associant le programme NRBC du CEA, un cofinancement de thèse de l'Agence d'Innovation de Défense et l'Institut de Recherches Biomédicales des Armées. La manipulation de l'ypérite n'étant autorisée que dans deux laboratoires en France, les premières expériences ont été faites avec un analogue de l'ypérite, le CEES (2-chloroéthyl éthyl sulfure).

Le glutathion est un tripeptide (voir formule) qui est présent en forte concentration dans les cellules où il se lie à de nombreux produits chimiques (on parle alors de conjugués) pour faciliter leur élimination. Sous l'action de diverses enzymes, ces conjugués évoluent dans l'organisme en différents dérivés. Dans une étude récente, les chercheurs de l'Irig ont cherché à détecter de manière ciblée les conjugués du CEES avec le glutathion ainsi que certains de ses métabolites.



Les biofluides ciblés dans cette étude ont été l'urine et le plasma sanguin, faciles d'accès chez les patients. Les échantillons ont été purifiés et concentrés par une extraction en phase solide avant que soient mesurés trois dérivés du glutathion par chromatographie liquide couplée à la spectrométrie de masse.

Après une longue période de mise au point et de validation analytique, des premières expériences biologiques ont été faites sur des cellules en culture et des explants cutanés. Les chercheurs ont ainsi pu montrer que le conjugué et ses métabolites sont effectivement produits et excrétés par les cellules, et qu'ils peuvent être détectés dans le milieu de culture des cellules.

La véritable validation biologique de ces marqueurs d'exposition a été fournie par leur détection non ambiguë dans des échantillons de plasmas sanguins de souris exposées au CEES, cette détection restant possible pendant une période de plusieurs jours. Forte de ces résultats, l'équipe travaille désormais à l'extension de cette technique aux métabolites de l'ypérite.

RÉFÉRENCE

Roser M, Béal D, Eldin C, Gudimard L, Caffin F, Gros-Désormeaux F, Léonço D, Fenaille F, Junot C, Piérard C and Douki T. Glutathione conjugates of the mercapturic acid pathway and guanine adduct as biomarkers of exposure to CEES, a sulfur mustard analog. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, sous presse, 2020



Frustration magnétique dans un réseau de pentagones

Le magnétisme a une énorme influence sur bien des aspects de notre vie courante, qu'il s'agisse par exemple de moteurs électriques ou du stockage des données numériques. À cause de cette importance, la recherche fondamentale s'intéresse beaucoup à la compréhension à l'échelle atomique des mécanismes d'interactions à l'origine des propriétés magnétiques d'un matériau. En marge des aimants permanents (ferromagnétiques), de nombreux composés présentent, en dessous d'une certaine température, un ordre appelé antiferromagnétique où les moments magnétiques portés par les atomes s'apparent deux à deux sous forme de paires antiparallèles, ainsi que l'avait prédit Louis Néel (prix Nobel 1970). Les choses deviennent cependant plus compliquées lorsque les interactions magnétiques pilotant cette mise en ordre sont antagonistes entre elles et ne peuvent pas être satisfaites toutes en même temps. La matière est alors sujette à ce que l'on appelle de la frustration magnétique qui a pour conséquence de créer des états fondamentaux beaucoup plus complexes.

Afin de pouvoir observer, caractériser et comprendre ces états fondamentaux, les matériaux modèles sont habituellement choisis avec un motif géométrique particulier, caractérisé par un nombre impair de liaisons entre atomes magnétiques, ce qui ne permet pas de satisfaire toutes les interactions. Les cristaux les plus étudiés sont ainsi constitués de réseaux à base de triangles (Figure 1). Pour aller au-delà du triangle, le polygone avec le plus petit nombre impair de liaisons est le pentagone. Il était donc tentant de sonder de tels phénomènes de frustration dans des cristaux dont l'ordre atomique est constitué par des réseaux de pentagones, afin de voir quelles étaient les similitudes et les différences par rapport aux triangles.

Des chercheurs de l'Irig ont pu caractériser plus précisément le magnétisme résultant de la frustration dans le composé $\text{Bi}_2\text{Fe}_4\text{O}_9$, dans lequel ils ont identifié pour la première fois un modèle de réseau pentagonal d'atomes magnétiques. Pour ce faire, ils ont utilisé la diffraction de neutrons en se plaçant en dessous de la température d'ordre magnétique (240K). Ils ont ainsi pu observer l'état fondamental ordonné original de ce composé présentant un arrangement orthogonal des moments magnétiques (Figure 2).

Par diffusion inélastique de neutrons, ces chercheurs ont pu en outre avoir accès aux ingrédients microscopiques à l'origine de cet ordre orthogonal, et mieux le comprendre. En quantifiant les différentes interactions magnétiques par comparaison du spectre des excitations mesuré avec celui provenant de différents modèles, les chercheurs de l'Irig ont mis en évidence les mécanismes de la frustration dans $\text{Bi}_2\text{Fe}_4\text{O}_9$ issu des trois interactions en compétition au sein des pentagones. Ils ont montré qu'il existait une hiérarchie dans la force de ces

interactions conduisant à un réseau dominant de paires de moments magnétiques couplés de façon antiferromagnétique. Les deux moments magnétiques de ces paires ont une réponse beaucoup plus faible à un champ magnétique ou à la température que les autres atomes magnétiques de la maille à cause de leur interaction mutuelle très intense. Même au dessus de la température d'ordre, dans l'état paramagnétique où les fluctuations thermiques sont censées supprimer l'ordre magnétique, ces moments forment un état magnétique original, ni totalement désordonné, ni totalement ordonné, constitué de dimères de spins encore très fortement couplés dans un océan de spins fluctuants.

Cette étude révèle de nouveaux comportements statiques et dynamiques de certains matériaux présentant de la frustration magnétique liée à une géométrie pentagonale et des interactions hiérarchiques. Ces travaux s'inscrivent dans l'effort de compréhension générale des mécanismes de mise en ordre dans la matière complexe et ont essaimé dans d'autres domaines au-delà du magnétisme.

RÉFÉRENCE

Beauvois K, Simonet V, Petit S, Robert J, Bourdarot F, Gospodinov M, Mukhin AA, Ballou R, Skumryev V and Ressouche E. Dimer physics in the frustrated Cairo pentagonal antiferromagnet $\text{Bi}_2\text{Fe}_4\text{O}_9$. *Physical Review Letters*, 2020

Contact : [Eric Ressouche](mailto:Eric.Ressouche@mem.ens-lyon.fr)
[MEM](http://mem.ens-lyon.fr)
Modélisation et Exploration des Matériaux

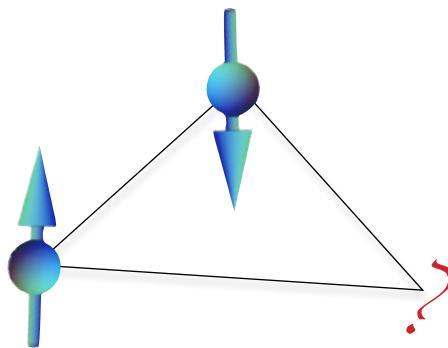


Figure 1 : Illustration de la frustration géométrique dans les matériaux où les atomes magnétiques occupent les sommets d'un triangle. Lorsque les moments magnétiques interagissent de façon antiferromagnétique (ils tendent à pointer dans une direction opposée à leur plus proche voisin), alors, dans le cas où deux spins sont antiparallèles, le troisième spin ne peut pas satisfaire simultanément les interactions avec les deux autres. La frustration empêche ainsi les moments magnétiques de s'ordonner de façon antiparallèle lorsqu'ils sont soumis à une très basse température.

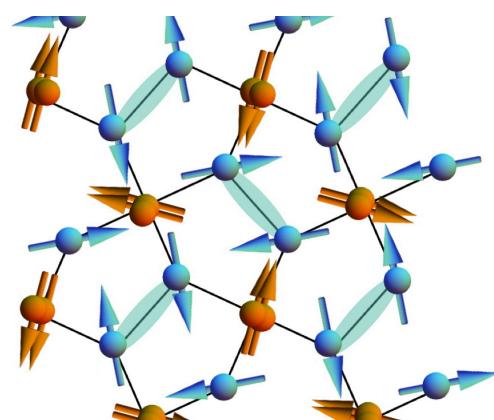


Figure 2 : Arrangement magnétique des atomes de fer (en bleu et orange) sur le réseau pentagonal de $\text{Bi}_2\text{Fe}_4\text{O}_9$. Les ellipses bleues soulignent les paires de moments magnétiques antiferromagnétiques fortement couplés (dimères).

Communiqués de presse - Prix

Des solutions inspirées de la nature pour augmenter durablement le rendement des cultures



[EN SAVOIR PLUS](#)

Paul Schanda - Lauréat de la médaille des fondateurs de l'ICMRBS



[EN SAVOIR PLUS](#)

Maria Spies - Prix de thèse C'Nano 2020



[EN SAVOIR PLUS](#)

Jacques Joyard - Lauréat du prix Georges Morel de l'Académie des Sciences



[EN SAVOIR PLUS](#)

Solène Besson - Prix de la fondation d'entreprise Silab



[EN SAVOIR PLUS](#)

Paul Schanda - Lauréat du prix Varian Young Investigator Award de l'Euromar



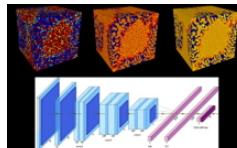
[EN SAVOIR PLUS](#)

Autres actualités scientifiques des laboratoires de l'Irig



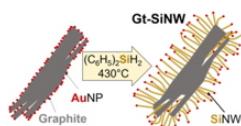
La photosynthèse a-t-elle pu se développer hors du système solaire ?

[EN SAVOIR PLUS](#)



Des agents de surface ioniques au Nafion en passant par les réseaux neuronaux convolutifs

[EN SAVOIR PLUS](#)



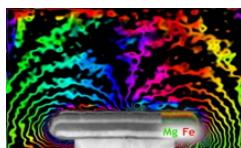
Nanofils de Si sur graphite pour anode de piles au lithium à haute énergie

[EN SAVOIR PLUS](#)



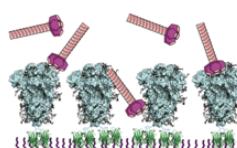
Film : Les microtubules sentent et répondent aux contraintes mécaniques

[EN SAVOIR PLUS](#)



Dévoiler le cœur des cellules de mémoire magnétique grâce à l'holographie électronique

[EN SAVOIR PLUS](#)



SARS-CoV-2 : découverte d'un mécanisme de transmission inédit

[EN SAVOIR PLUS](#)



Tokamak japonais : le DSBT associé au démarrage

[EN SAVOIR PLUS](#)

• • •

**Biologie du
Cancer et de
l'Infection**

UMR_S 1036
CEA/Inserm/UGA
www.BCI-lab.fr

**Biologie
à
Grande Échelle**

UMR_S 1038
CEA/Inserm/UGA
www.BGE-lab.fr

**Chimie et
Biologie des
Métaux**

UMR 5249
CEA/CNRS/UGA
www.CBM-lab.fr

**Institut de
Biologie
Structurale**

UMR 5075
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/Inra
www.LPCV.fr

**Département des
Systèmes Basses
Températures**

UMR
CEA/UGA
www.d-SBT.fr

**Spintronique
et Technologie
des Composants**

UMR 8191
CEA/CNRS/UGA/G-INP
www.Spintec.fr

**Systèmes
Moléculaires et
nanoMatériaux pour
l'Énergie et la Santé**

UMR 5819
CEA/CNRS/UGA
www.Symmes.fr

irig.cea.fr

**Institut de recherche
interdisciplinaire de
Grenoble**

CEA-Grenoble
17 avenue des Martyrs
38054 Grenoble cedex 9

www.cea.fr/drif/Irig/actu/lettres

Responsables :
**Jérôme Garin et
Pascale Bayle-Guillemaud**

Directeur de la publication

Jérôme Garin

Éditeur et format électronique

Pascal Martinez

Comité de rédaction

Robert Blanvillain, Éric Bouleau, Olivier Boulle, François Cretin, Thierry Douki, Ursula Ebels, Lamy Ghennim, Laëtitia Kurzawa, Hélène Malet, Caroline Marchi-Delapierre, Gaël De Paëpe, Éric Ressouche, Xavier Waintal



Inserm
La science pour la santé
From science to health

UGA
Université
Grenoble Alpes

INRAE

Lettre scientifique de l'Irig - HIVER 2020