

Sommaire**Faits Marquants**

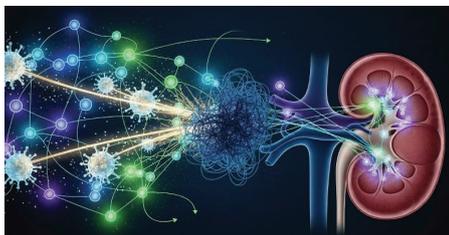
- Prédiction de la réponse thérapeutique du cancer du rein par l'analyse des réseaux de gènes
Christophe Battail
Laboratoire Biosciences et Bioingénierie pour la santé p. 2
- Optimisation de cellules solaires assistée par une approche combinée plan d'expérience/IA
Cyril Aumaître
Laboratoire Systèmes Moléculaires et nanoMatériaux pour l'Énergie et la Santé p. 3
- Impact des nanoplastiques sur les cellules immunitaires
Thierry Rabilloud
Laboratoire Chimie et Biologie des Métaux p. 4
- Grenoble au cœur de la cryogénie spatiale européenne
Sylvain Martin
Département des Systèmes Basses Températures p. 5
- L'auxine, chef d'orchestre du développement des plantes
Renaud Dumas
Laboratoire Physiologie Cellulaire & Végétale p. 6
- Supraconductivité du matériau UTe_2 en conditions extrêmes
Jean-Pascal Brison
Laboratoire PHotonique Electronique et Ingénierie Quantiques p. 8
- Quand l'IA et la cryo-microscopie électronique permettent de révéler la structure d'objets biologiques complexes
Grégory Effantin
Institut de Biologie Structurale p. 10
- Révéler les longueurs d'échelle cachées dans les électrolytes concentrés
Stefano Mossa
Laboratoire Modélisation et Exploration des Matériaux p. 12
- L'analyse rigoureuse du co-séquencage unicellulaire des microARN permet de mieux comprendre leurs interactions
Laurent Guyon
Laboratoire Biologie et Biotechnologies pour la Santé p. 13
- Des nano-neurones magnétiques opèrent aléatoirement en quelques nanosecondes
Philippe Talatchian
Laboratoire Spintronique et Technologie des Composants p. 14
- Communiqués - Prix - Media**
- Autres résultats scientifiques des laboratoires** p. 16



Prédiction de la réponse thérapeutique du cancer du rein par l'analyse des réseaux de gènes

Christophe Battail

Laboratoire Biosciences et Bioingénierie pour la santé



Des méthodologies *in silico* permettent de prédire la réponse thérapeutique de patients atteints du cancer du rein.

Les immunothérapies se sont récemment imposées comme un traitement de référence pour les cancers avancés, offrant globalement une amélioration de la survie des patients. Néanmoins, seule une minorité de patients en bénéficie actuellement, faute de disposer de marqueurs moléculaires fiables permettant d'identifier les répondeurs. Nous présentons dans ce travail une méthodologie *in silico* exploitant les réseaux d'expression géniques afin d'identifier des signatures prédictives de la réponse à l'immunothérapie de patients atteints de cancer du rein.

Nous avons modélisé des réseaux d'expression de gènes et extrait leurs caractéristiques topologiques afin d'explorer leur pertinence pour prédire la réponse thérapeutique de patients atteints de cancer du rein. À partir d'une cohorte de plus de 300 transcriptomes de tumeurs de rein, nous avons modélisé des réseaux de gènes personnalisés (**Figure, panel A**) et étudié leur connectivité, les associations gène-gène, la similarité des réseaux et la dérégulation de voies de signalisation biologiques (**Figure, panel B**). Ces analyses ont permis de révéler des signatures de co-expression de gènes et d'améliorer la performance de modèles d'apprentissage automatique prédictifs de la réponse des patients à l'immunothérapie (**Figure, panel C**).

Nos travaux démontrent la valeur des réseaux d'expression de gènes comme source alternative de signatures moléculaires, par rapport à de simples marqueurs géniques, pour améliorer la prédiction de la réponse thérapeutique des patients atteints de cancers.

Financements

- Projets KATY et CANVAS du programme de recherche et d'innovation Horizon 2020 de l'Union européenne,
- Projet DIGPHAT de l'initiative France 2030 via le programme PEPR Santé Numérique de l'Agence Nationale pour la Recherche

REFERENCE

Yin L et al. Sample-specific network analysis identifies gene co-expression patterns of immunotherapy response in clear cell renal cell carcinoma. *IScience* 2025

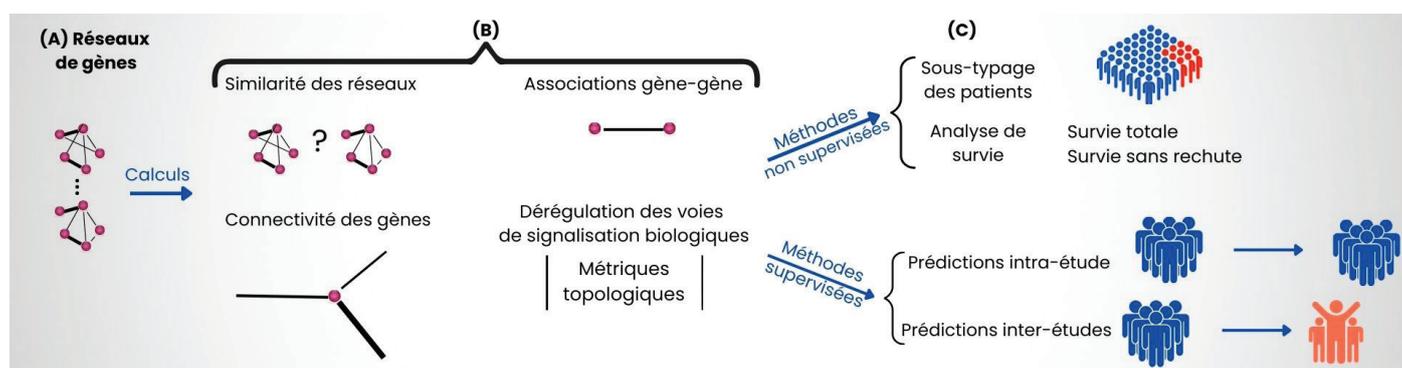


Figure : Description de la méthodologie *in silico* incluant (A) la modélisation de réseaux de gènes personnalisés pour chaque tumeur, (B) le calcul de quatre catégories de caractéristiques topologiques et (C) leur évaluation pour la classification des patients, l'analyse de survie et la prédiction de la réponse thérapeutique. © CEA

Optimisation de cellules solaires assistée par une approche combinée plan d'expérience/intelligence artificielle

Cyril Aumaître

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

L'optimisation d'un procédé influencé par de multiples paramètres est un problème récurrent en recherche, qui nécessite généralement la conduite de nombreuses expériences très souvent chronophages. A titre d'exemple, l'optimisation complète d'un procédé à 4 variables nécessite la réalisation de 44 tests soit 256 expériences ce qui engendre un temps de manipulation important. De plus, avec cette méthode il subsiste un risque de ne pas identifier les conditions optimales si certains paramètres ont des effets conjoints.

Des chercheurs du **CEA-Irig/SyMMES** (UMR UGA, CEA, CNRS, Grenoble INP UGA) ont développé une méthodologie basée sur une approche combinée entre la science des plans d'expériences et l'intelligence artificielle. En s'appuyant sur un plan d'expériences réduit explorant différents paramètres tout en diminuant le nombre d'expériences requises, ils ont produit un jeu de données facilement exploitable par un algorithme d'intelligence artificielle. Cette approche permet de tracer une carte où il est possible de visualiser les différentes zones d'intérêt et d'identifier les meilleures conditions à tester. Il est ainsi possible d'accélérer l'optimisation du procédé de manière visuelle en se concentrant sur les zones où les conditions ont été identifiées comme optimales.

Grâce à cette stratégie, les chercheurs du SyMMES ont optimisé une solution d'électrolyte comportant de nombreux additifs dans le cadre de recherche sur les cellules solaires à colorant. Les électrolytes sont des formulations souvent

complexes ou les composants et additifs peuvent avoir des interactions favorables ou défavorables entre eux. Il est parfois difficile de rationaliser les résultats d'expériences avec autant de paramètres liés et d'optimiser les formulations. Dans l'étude réalisée et publiée dans la revue *Materials Horizons*, les chercheurs du SyMMES ont cherché à optimiser la conversion d'énergie de ces cellules tout en préservant une forte transparence, deux paramètres difficiles à concilier. Cette méthodologie a ainsi permis de rationaliser et comprendre l'influence de chaque paramètre et d'identifier la composition optimale pour garantir le meilleur compromis entre la conversion de l'énergie solaire et la transparence. Avec seulement 32 expériences, l'équipe a optimisé rapidement un nouvel électrolyte avec 4 variables et a réussi à améliorer simultanément l'efficacité des cellules solaires et leur transparence.

Cette nouvelle méthode d'optimisation versatile est applicable à de nombreux

systèmes, elle est aujourd'hui exploitée au SyMMES pour optimiser la synthèse de quantum dots en explorant leur composition, ou encore pour améliorer le dépôt et la composition de couches actives de cellules solaires de dernière génération. Pour réaliser ce dernier objectif, le SyMMES va s'équiper d'un robot de dépôt dans le cadre du projet AMARIA qui bénéficie du soutien financier du PEPR DIADEM (France 2030) et du Programme Transversal de Compétences- Matériaux (CEA). Le développement de cette méthodologie avec l'aide de la robotique va permettre

d'augmenter la cadence de réalisation des expériences et leur reproductibilité, permettant ainsi une accélération significative du développement des matériaux des couches actives et des cellules solaires.

Collaboration

- CEA-Irig, CEA-Liten, CEA Tech-Bordeaux et Institut Courtois de Montréal au Canada.

Financements

- ERC PISCO
- Bourse CFR

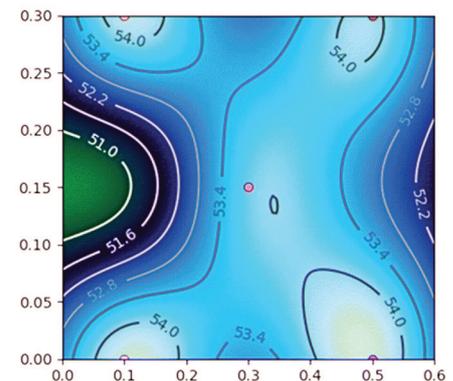


Figure : Cartographie créée par intelligence artificielle représentant l'optimisation de la transparence des cellules solaires à colorant en fonction des composants de l'électrolyte. Quatre optimums locaux ont pu être identifiés par cette approche. © CEA

REFERENCE

Liotier J et al.

Data-driven modelling for electrolyte optimisation in dye-sensitised solar cells and photochromic solar cells
Materials Horizons 2025

Impact des nanoplastiques sur les cellules immunitaires

Thierry Rabilloud

Laboratoire Chimie et Biologie des Métaux

Le monde n'a jamais autant utilisé de matières plastiques, avec une production annuelle de 500 millions de tonnes. Malheureusement, du fait d'une gestion déficiente des déchets plastiques au niveau global, on estime que 10 millions de tonnes de plastiques sont relâchées annuellement dans les mers et océans (Réf. [USA *annals of global health*](#)). Ces déchets plastiques, dont la dégradation totale se compte en décennies voire en siècles, se fragmentent tout d'abord en micro-plastiques (taille de moins de 1mm), puis en nanoplastiques (taille de moins de 1 micromètre). Ces micro et nanoplastiques se retrouvent partout sur terre, des abysses au sommet des montagnes en passant par les glaces polaires. Les êtres vivants y sont donc exposés en permanence, et les humains ne font pas exception. Afin de mieux comprendre les effets de ces particules de plastiques sur nos cellules, des chercheurs du **CEA-Irigr/LCBM** ont étudié les effets de particules plastiques sur les cellules immunitaires chargées dans l'organisme de la gestion des particules (y compris les particules biologiques comme les bactéries et les virus), les macrophages. Les macrophages jouent également un rôle pivot dans l'immunité, en particulier via les réactions inflammatoires. *Quels sont les effets des plastiques sur nos cellules immunitaires ?*

Pour répondre précisément à cette question, les chercheurs ont étudié les effets de deux particules plastiques différentes

sur les macrophages. D'une part des particules de poly(éthylène téréphthalate) ou PET, composant entre autres les bouteilles plastiques des boissons, et connu pour libérer des particules dans les liquides qu'il contient. D'autre part des particules de

polycaprolactone (PCL), un plastique biodégradable très étudié actuellement pour remplacer les plastiques classiques de type polyéthylène-polypropylène, faiblement biodégradables, dans des applications comme l'emballage.

Les chercheurs ont ainsi montré que ces deux particules induisent des effets très différents dans les macrophages. Les particules de PET provoquent un stress dans les cellules, en particulier un stress oxydant, et induisent aussi une réponse pro-inflammatoire

de la part des macrophages exposés au PET (voir Figure). En outre, les macrophages exposés au PET ont une réponse perturbée aux micro-organismes et seraient moins efficaces dans leur rôle de défense. Quant aux macrophages exposés à la PCL, ils ne montrent pas de signes de stress cellulaire. En revanche, ils montrent une inhibition marquée de leurs fonctions spécialisées, que ce soit la phagocytose (capacité à retirer des particules de l'organisme) ou la mise en place d'une réaction inflammatoire en présence d'un stimulus bactérien (voir Figure). Ils sont donc au global moins performants pour lutter contre une agression externe.

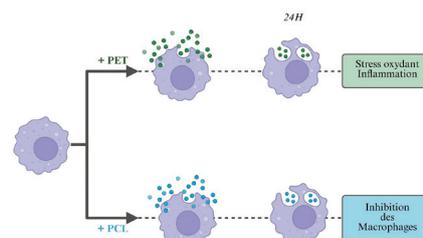


Figure : schéma d'étude des effets des nanoplastiques sur les macrophages : les macrophages (en violet) sont exposés en culture à une concentration non létale de nanoplastiques (billes figurées en vert ou en bleu, diamètre 200 nm) pendant 24 heures. A la fin de cette exposition, les cellules sont récoltées et testées pour différents paramètres.

En conclusion, les particules de plastiques ne sont pas sans conséquences sur les fonctions de nos cellules immunitaires.

Si ces conséquences sont différentes d'un plastique à l'autre, les particules plastiques peuvent altérer le délicat équilibre du système immunitaire..

Collaborations

- Chemistry and Biology of Metals, CNRS UMR5249, CEA, IRIG-LCBM, Univ. Grenoble Alpes, France
- Univ. Grenoble-Alpes, CEA, CNRS, Grenoble-INP, IRIG, SYMMES, CIBEST, Grenoble, France
- Institut de Biologie Structurale, Université Grenoble Alpes, CEA, CNRS, Grenoble, France
- Group of Mutagenesis, Department of Genetics and Microbiology, Faculty of Biosciences, Universitat Autònoma de Barcelona, Cerdanyola del Valles, Barcelona, Spain
- Facultad de Recursos Naturales Renovables, Universidad Arturo Prat, Iquique, Chile
- Laboratoire de Spectrométrie de Masse BioOrganique (LSMBO), IPHC UMR 7178, CNRS, Université de Strasbourg, 67087 Strasbourg, France
- Infrastructure Nationale de Protéomique ProFI – UAR 2048, 67087 Strasbourg, France

Financements

- projet Européen PlasticHeal (Horizon 2020).
- projet Plastox(ANR)

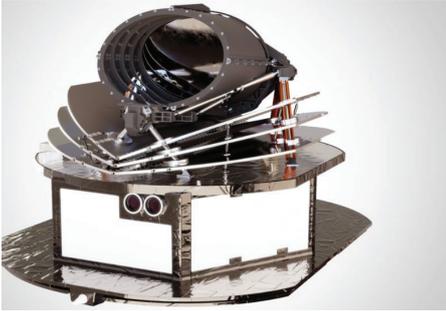
REFERENCES

- [1] Collin-Faure V et al. About the effects of true-to-life polyethylene terephthalate... *Environmental Science: Nano* 2025
- [2] Collin-Faure V et al. A comparison of the effects of polystyrene and polycaprolactone nanoplastics on macrophages *Environmental Science: Nano* 2025

Grenoble au cœur de la cryogénie spatiale européenne

Sylvain Martin

Département des Systèmes Basses Températures



Le Laboratoire **CEA-Irig/DSBT** a accueilli à Grenoble, du 24 au 26 juin 2025, les 9^{èmes} journées de la cryogénie spatiale européenne, confirmant son rôle central dans ce domaine de haute technologie.

Organisé du 24 au 26 juin 2025 à Grenoble par le **CEA-Irig/DSBT** en partenariat avec l'Agence Spatiale Européenne (ESA), le 9^{ème} European Space Cryogenics Workshop a rassemblé plus de 70 experts européens autour des avancées technologiques en cryogénie spatiale.

Ce rendez-vous scientifique de référence a permis de faire le point sur les dernières avancées en matière de technologies cryogéniques. Ce domaine clé pour l'exploration spatiale inclut tout d'abord les techniques de réfrigération, ainsi que l'architecture thermique d'instruments embarqués à très haute sensibilité, des technologies cryogéniques pour les applications quantiques et pour le transfert de fluide en orbite.

Ce séminaire a mis en lumière le dynamisme des équipes de Grenoble dans le domaine de la cryogénie, en particulier avec la présence de partenaires locaux majeurs du domaine tel que Air Liquide, Absolute System, Lynred et l'institut Néel.

Le CEA-Irig/DSBT a montré son engagement à travers plusieurs présentations portant sur des sujets variés et sur des gammes de température très différentes : la dilution spatiale en cycle fermé autour de 40 mK

(milli-Kelvin), la désaimantation adiabatique à cinq étages pour la mission Athena qui permet de refroidir jusqu'à 50 mK,

les refroidisseurs à tubes à gaz pulsé compacts visant 15 Kelvin, ou encore l'architecture thermique de l'instrument européen développé pour la mission PRIMA de la NASA. Le retour d'expérience très positif sur le fonctionnement en vol du cryoréfrigérateur LPTC (Large Pulse Tube Cooler) développé par Air Liquide Advanced Technologie (Sassenage) sous licence DSBT, pour le satellite MTG (MÉTÉO SAT 3^{ème} Génération), a souligné la robustesse de ces technologies après plusieurs années d'opération en orbite.

Les six présentations consacrées à la mission Athena, future mission d'astrophysique à rayons X de l'ESA, montrent toute son importance dans le panorama spatial. Ces interventions ont mis en lumière les exigences extrêmes de refroidissement associées à cette mission, dans laquelle le DSBT est fortement impliqué, et a pu présenter les réponses technologiques en cours de développement.

D'autres présentations ont porté sur la mission ARIEL de l'ESA dédié aux exoplanètes, notamment sur les coolers de type « Joule-Thomson » en cours de développement. Ces interventions ont permis de constater que certaines institutions européennes conservent un fort savoir-faire interne en fabrication et en assemblage cryogénique, illustrant l'importance de maintenir des compétences de production sur le territoire.

L'événement a permis de fédérer les acteurs industriels et académiques européens sur des perspectives de collaboration concrètes, tout en confirmant le rôle du pôle scientifique et technique grenoblois dont fait partie le CEA-Irig/DSBT comme plateforme de référence en cryogénie spatiale. Suivi par une large communauté, le workshop a renforcé la visibilité de l'expertise nationale dans un secteur technologique stratégique.

Financements

- UGA, Grenoble Alpes Métropole, Air Liquide, Cryogenic Society of Europe, Labex FOCUS et CEA-Irig.

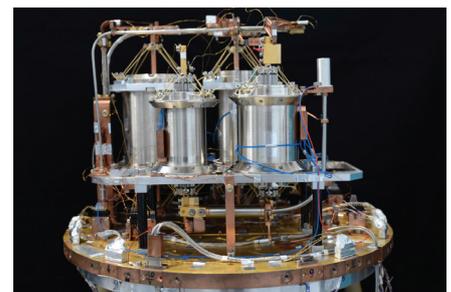


Photo : démonstrateur par désaimantation adiabatique quatre étages pour ATHENA, qui permet d'atteindre 320 mK © CEA.

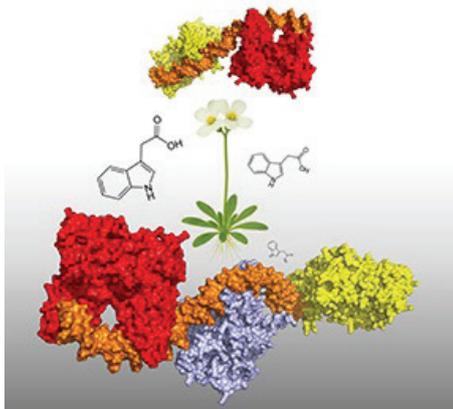
REFERENCE

J-M Duval et al.
5-stage ADR cooler for the Athena space mission: design and preliminary characterization
Cryocoolers 2024

L'auxine, chef d'orchestre du développement des plantes

Renaud Dumas

Laboratoire Physiologie Cellulaire & Végétale



Dans une publication publiée dans *Cell*, une équipe du **CEA-Irig/LPCV**, en collaboration avec une équipe du Laboratoire Reproduction et Développement des Plantes (RDP), a proposé un modèle permettant de comprendre comment l'auxine, une hormone végétale, est responsable d'une grande diversité de réponses transcriptionnelles en fonction du contexte cellulaire.

Légende de l'illustration: L'auxine est impliquée dans la plupart des mécanismes de développement chez les plantes, y compris dans la formation des fleurs, tiges, feuilles et racines. Cette figure illustre un modèle à deux niveaux pour expliquer la diversité de réponses à l'auxine. Il se base sur la combinaison des ARFs exprimés dans chaque cellule et l'agencement des séquences ADN sur lesquelles les ARFs se fixent dans les gènes qu'ils régulent. © CEA-Irig/LPCV/Flo_RE/R. Dumas

Le développement de tout organisme multicellulaire (végétal ou animal) dépend de gènes dont l'activation doit se produire dans le bon tissu et au bon moment. L'activation de ces gènes est contrôlée par des protéines appelées **facteurs de transcription***. Les Auxin Response Factors (ARFs) font partie de ces facteurs: en activant ou en inhibant une multitude de gènes, ils permettent à l'auxine, une hormone végétale, de jouer des rôles toujours importants mais différents selon les tissus de la plante (par exemple orienter la croissance d'une racine en fonction de la gravité, faire émerger une fleur ou aider la tige à se diriger vers la lumière).

Comment un même signal « auxine » permet-il cette multiplicité de réponses : activation et inhibition de gènes propres à chaque tissu ?

Avec leurs collaborateurs, des chercheurs du **CEA-Irig/LPCV/Flo_Re** ont tenté de comprendre comment l'auxine et les ARFs contrôlent l'activité des gènes chez *Arabidopsis* dans l'espace et le temps.

Chez *Arabidopsis*, 23 protéines ARFs sont dénombrées, certaines considérées activatrices et d'autres inhibitrices.

Jusqu'à présent, il était supposé que la réponse à l'auxine dépendait des ARFs présentes dans un tissu donné, qui entraient en compétition pour activer ou réprimer chaque gène.

Mais la solution est plus complexe. En effet, les ARFs agissent en s'accrochant sur des motifs ADN présents à proximité des gènes qu'elles contrôlent. En combinant des approches de biochimie, de séquençage en cellules uniques et d'études « *in planta* » l'étude révèle que la diversité de réponses à l'auxine dépend aussi fortement des combinaisons de motifs présents à proximité de chaque gène.

A partir de séquences synthétiques constituées de différentes configurations de motifs, les chercheurs ont ainsi découvert que chaque ARF a une préférence pour certaines configurations, et que son activité - d'activateur ou de répresseur - varie en fonction de la disposition des motifs. L'action de l'auxine implique donc deux niveaux : d'une part, la combinaison des ARFs présentes dans chaque cellule et d'autre part, la configuration des motifs présents chez chaque gène. Cette combinaison engendre un code complexe de régulation « bi-couche » ARF/Motifs.

Ce code à deux niveaux permet à chaque gène de répondre « à sa façon » et en fonction du tissu, et joue un rôle majeur dans la diversification des réponses à l'auxine dans le développement des tissus végétaux.

Facteurs de transcriptions* : protéines capables de se lier à l'ADN et permettant la régulation des gènes en activant ou en inhibant la synthèse des ARNm.

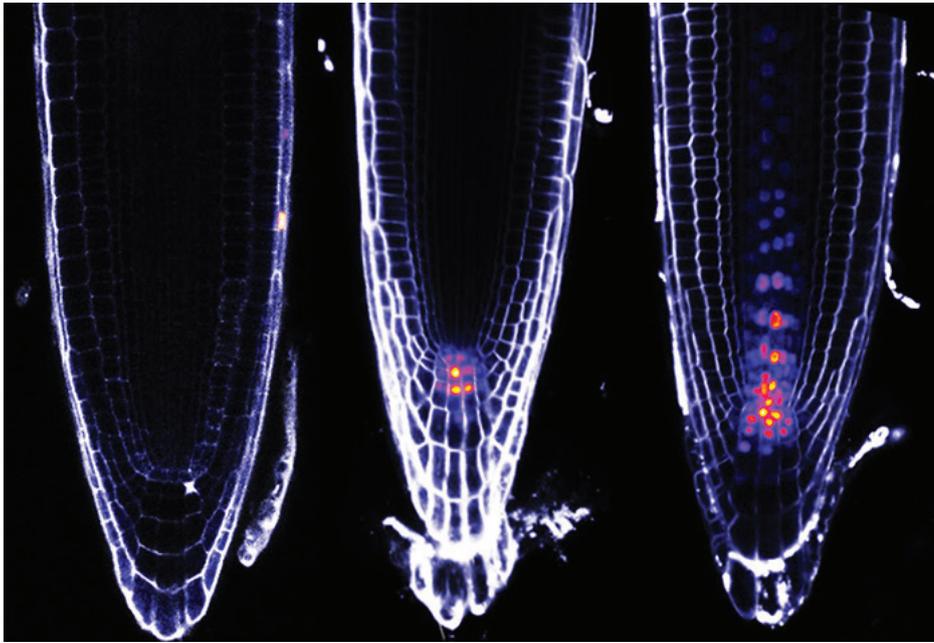


Figure : Activité dans des racines d'*Arabidopsis* de trois séquences d'ADN synthétiques, construites à partir de trois configurations différentes, liées par les ARFs et contrôlant l'expression d'une protéine fluorescente (mTurquoise). Cette figure illustre que des profils d'expression variés font émerger un code à double couche basé sur la composition des ARFs de chaque cellule et sur la liaison des ARFs à des configurations de motifs ADN différents. Les images ont été obtenues par microscopie confocale. La fluorescence est visualisée dans une gamme de couleurs allant du violet au jaune-orange. Images de Raquel Martin-Arevalillo.
© CEA-Irig/LPCV/Flo_RE/R. Dumas

Comprendre comment, dans un organisme, l'information d'un signal de développement est déclinée en une multitude de réponses cellulaires dans l'espace et le temps, est un élément majeur dans la compréhension du développement de cet organisme. Grâce à cette étude, **il devient possible de comprendre comment l'auxine peut induire une multitude de réponses transcriptionnelles**, malgré la complexité des interactions moléculaires en jeu. Cette avancée ouvre de nouvelles perspectives pour l'agriculture et la médecine, en permettant de mieux contrôler et prédire les réponses des organismes aux signaux de développement.

Collaborations

- Laboratoire Reproduction et Développement des Plantes, Université de Lyon, ENS de Lyon, CNRS, INRAE, INRIA, 69342 Lyon, France
- Institute of Synthetic Biology, University of Düsseldorf, 40225 Düsseldorf, Germany
- CEPLAS – Cluster of Excellence on Plant Sciences, University of Düsseldorf, 40225 Düsseldorf, Germany
- Center for Genomics and Systems Biology, New York University, New York, NY, USA
- Center for Genomics and Systems Biology, New York University Abu Dhabi, Abu Dhabi, United Arab Emirates

Financements

- ANR ChromAuxi
- ERC TEMPO Project
- GRAL/CBH-EUR-GS (ANR-17-EU-RE-0003)

REFERENCE

Raquel Martin et al.
Synthetic deconvolution of an auxin-dependent transcriptional code
Cell 2025

Supraconductivité du matériau UTe₂ en conditions extrêmes

Jean-Pascal Brison

Laboratoire PHotonique ELectronique et Ingénierie Quantiques

Caractérisée par la disparition de la résistance électrique à basse température, la supraconductivité dite « **conventionnelle*** » est déjà bien comprise depuis les années 50. Cependant, certains supraconducteurs dits « **non-conventionnels*** » présentent des propriétés exotiques encore peu comprises, comme la robustesse face au champ magnétique ou la présence de plusieurs phases supraconductrices distinctes pour différentes conditions de température, de champ magnétique ou de pression.

C'est notamment le cas pour le matériau UTe₂ dont le diagramme de phase singulier est représenté en **Figure 1**.

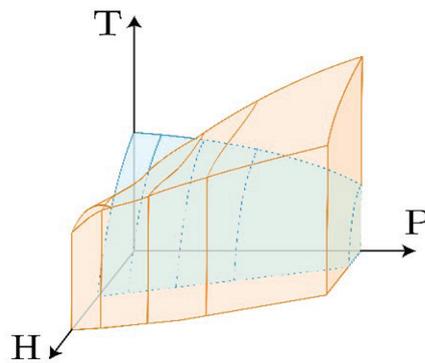


Figure 1 : Diagramme de phase pression-champ magnétique-température du matériau UTe₂. Les régions bleues et orange représentent deux phases supraconductrices différentes.

Les résultats permettant de construire cette figure sont détaillés en **Figure 2**.

Depuis la découverte de la supraconductivité de UTe₂ en 2018, ses propriétés n'ont cessé de surprendre les chercheurs du monde entier. Lorsque il est refroidi en-dessous de 2 K, une première phase supraconductrice (SC1) apparaît. Plus surprenant, une nouvelle phase supraconductrice est stabilisée, et même renforcée, lorsqu'on applique un champ magnétique très intense. Enfin, une troisième phase supraconductrice apparaît lorsque l'on exerce une forte pression (environ 0.2 GPa soit 2000 fois la pression atmosphérique) sur ce matériau.

Les chercheurs du laboratoire **CEA-Irig/Pheliqs**, en collaboration avec les équipes de l'Université Grenoble Alpes et de Grenoble INP, ont récemment cherché à étudier le comportement de UTe₂ dans des conditions encore plus extrêmes, en appliquant à la fois de fortes pressions, et d'intenses champs magnétiques. Pour cela, des mesures de capacité calorifique à basse température ont été réalisées au Laboratoire National des Champs Magnétiques Intenses (LNCMI) de Grenoble, en collaboration avec les chercheurs du LNCMI (tutelles) et de l'Université de Tohoku, à Sendai, Japon.

Les conclusions de ce travail ont confirmé sans équivoque que les phases induites sous champ magnétique et sous pression ne forment en réalité qu'une seule et unique phase SC2 (**Figure 2**).

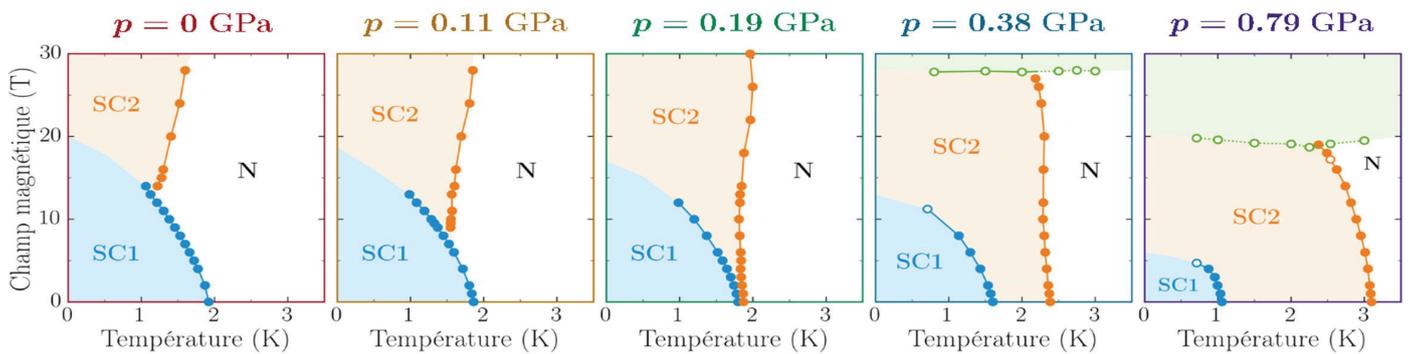


Figure 2 : Champ critique de UTe_2 en fonction de la température, pour différentes valeurs de pressions. Sans champ ni pression, on passe d'une phase normale N à une phase supraconductrice SC1. La phase SC2 quant à elle, apparaît soit sous champ (15 T) à pression ambiante, soit sous pression (0,2 GPa) à champ nul, en évoluant de façon continue. Elle ne forme ainsi qu'une seule et unique phase « haut champ / haute pression ».

Ce résultat « simple » soulève cependant une question beaucoup plus complexe : quel mécanisme d'appariement, responsable de cette phase supraconductrice particulièrement robuste, peut-être renforcé à la fois lorsqu'on applique un champ magnétique fort et une pression ? La question est ardue car dans le premier cas, on sait que le champ magnétique favorise l'alignement des spins électroniques jusqu'à aboutir à une transition « méta-magnétique » où UTe_2 est dans un état polarisé en spin (comme un ferromagnétique sous champ), alors que la pression semble au contraire favoriser un état antiferromagnétique.

Les supraconducteurs exotiques comme UTe_2 révèlent des propriétés « déconcertantes » quand on leur applique des conditions extrêmes de champ magnétique ou de pression.

A ce jour, caractériser la nature microscopique des interactions à l'origine de la supraconductivité de UTe_2 , est un challenge fondamental majeur, et cette découverte récente est un nouveau défi pour les modèles théoriques et les futures expériences qui tenteront de mieux comprendre ces **supraconducteurs non conventionnels***.

REFERENCE

Vasina T *et al.*
Connecting High-Field
and High-Pressure
Superconductivity in UTe_2
Phys. Rev Lett 2025

Supraconducteurs conventionnels* : ils sont bien décrits par la théorie BCS depuis 1957 (Prix Nobel 1972). Le mécanisme permettant l'apparition de la supraconductivité provient des vibrations du réseau cristallin (phonons). Parmi eux on retrouve la plupart des métaux purs comme le mercure, des alliages comme le niobium-titane (qu'on retrouve dans tous les aimants IRM des hôpitaux), mais aussi les hydrures récemment découverts sous très haute pression.

Supraconducteurs non conventionnels* : le mécanisme à l'origine de la supraconductivité dans les supraconducteurs non-conventionnels n'est pas dû aux interactions entre électrons et réseau cristallin, mais plutôt à des interactions directes entre électrons, impliquant par exemple des propriétés magnétiques. On les trouve dans différentes familles de matériaux quantiques dit « à fortes corrélations », caractérisés par des états électroniques fortement intriqués, tels les cuprates à haute température critique, les pnictures à base de fer, ou encore les supraconducteurs fermions lourds à base d'uranium (comme UTe_2).

Quand l'IA et la cryo-microscopie électronique permettent de révéler la structure d'objets biologiques complexes

Grégory Effantin
Institut de Biologie Structurale

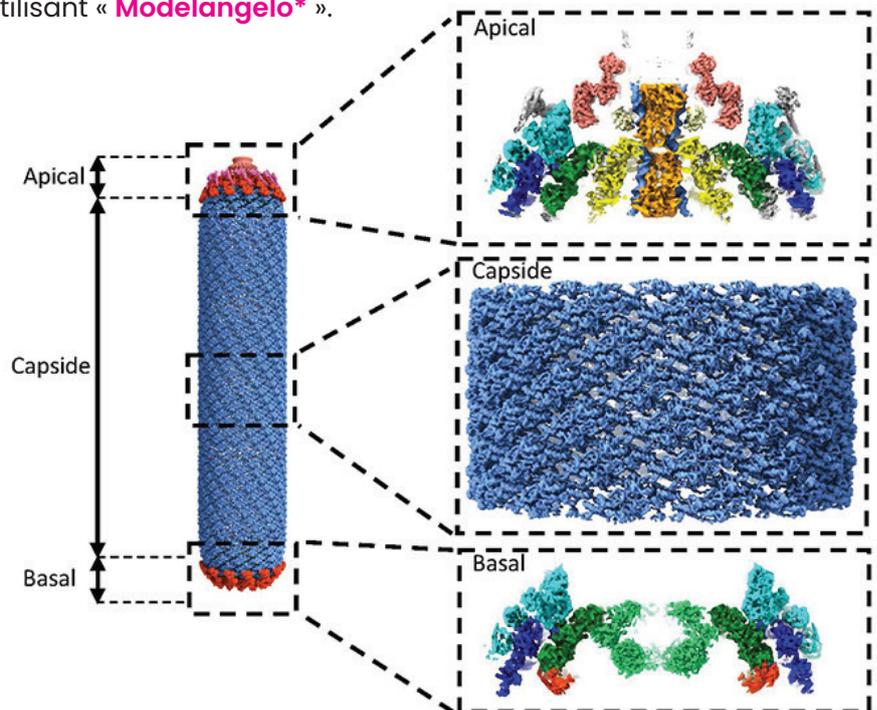
Les Baculovirus sont des virus ayant un génome circulaire à double brin d'ADN (dsDNA) qui infectent spécifiquement les cellules d'insectes, jouant un rôle important dans la régulation de leurs populations. Ils sont ainsi largement utilisés comme agents biologiques dans l'agronomie. Par ailleurs, ils sont utilisés comme système d'expression, constituant un outil biotechnologique de choix pour la production de protéines recombinantes en culture de cellules d'insectes.

Bien que couramment utilisé, les études structurales portant sur l'assemblage de la **nucléocapside*** des Baculovirus à l'échelle moléculaire restent limitées. Une meilleure compréhension de cette organisation permettrait de mieux appréhender son fonctionnement et notamment son efficacité en tant que système d'expression.

Dans cette étude, les chercheurs ont étudié le Baculovirus « *Autographa californica* multiple nucleopolyhedrovirus » (AcMNPV). Ce virus est constitué d'une nucléocapside, qui est entourée d'une membrane lipidique dans laquelle des glycoprotéines virales sont insérées. La nucléocapside forme une structure allongée de 50 nm de large et d'environ 300 nm de long en moyenne dans laquelle on distingue deux parties terminales distinctes, le capuchon « apical » et la structure « basale », qui sont reliées entre elles par la capside. A l'aube de cette étude, de nombreuses protéines structurales constituant la nucléocapside n'étaient encore ni localisées, ni même identifiées.

En utilisant la cryo-ME, les chercheurs se sont particulièrement intéressés aux structures « basale » et « apicale » de la nucléocapside. Ils ont ainsi obtenu plusieurs cartes 3D allant de la haute à la moyenne résolution, permettant de pouvoir identifier et positionner les protéines constituant chacune de ces cartes 3D. La nucléocapside de AcMNPV peut être décrite par plusieurs sous-ensembles protéiques distincts ayant leur propre symétrie. En élucidant pour la première fois ces différentes symétries au sein de ces sous-ensembles, un modèle pseudo-atomique représentant toutes les parties symétriques de la nucléocapside de AcMNPV a pu être obtenu. Pour y parvenir, au niveau des meilleures résolutions des cartes 3D (inférieures à 4 Å), ils ont pu assigner des densités de nature inconnue, en utilisant « **Modelangelo*** ».

Pour les cartes 3D de résolution moins bonne (supérieure à 4 Å), ils ont identifié et positionné plusieurs protéines à partir de structures prédites par « **AlphaFold*** ». AlphaFold a été utilisé non seulement pour prédire les structures des protéines individuelles parmi les 155 codées par le génome de AcMNPV, mais également pour suggérer d'éventuels partenaires d'interaction, facilitant ainsi l'interprétation d'assemblages complexes.



Structure de la nucléocapside entière de AcMNPV obtenue par cryo-ME. A droite, de haut en bas : zoom sur une vue de côté du capuchon « apical » (la « porte d'entrée et de sortie » de l'ADN viral), la capside et une vue de côté de la structure « basale ». © CEA-Irigr/IBS/G. Effantin

Ces résultats ont finalement permis d'identifier huit nouvelles protéines ainsi qu'un court segment du génome viral au niveau du domaine « apical » de la nucléocapside, apportant une contribution expérimentale au rôle proposé de point d'entrée et de sortie de l'ADN viral.

En utilisant la cryo-ME à haute résolution combinée à des algorithmes d'IA, les auteurs de cette étude ont déterminé pour la première fois la structure entière – à résolution quasi-atomique – de la nucléocapside du Baculovirus AcMNPV. Ce travail apporte une compréhension approfondie du fonctionnement des Baculovirus en enrichissant la base de données structurales du virus, et va certainement contribuer à un développement plus rationnel des outils biotechnologiques basés sur les Baculovirus.

Collaborations

- European Synchrotron Radiation Facility (ESRF), Grenoble, France
- European Molecular Biology Laboratory (EMBL), Grenoble, France

Nucléocapside* : ensemble constitué de la capsid du virus et de son acide nucléique (ADN ou ARN), le génome viral.

Modelangelo* : programme d'apprentissage automatique conçu pour construire des modèles atomiques de protéines (de séquence d'acides aminés connue ou inconnue) à partir de cartes de cryo-ME.

Alphafold* : programme d'apprentissage automatique qui prédit la structure 3D des protéines à partir de leur séquence d'acides aminés. En 2024, Alphafold offrait un accès libre à plus de 200 millions de prédictions de structures protéiques.

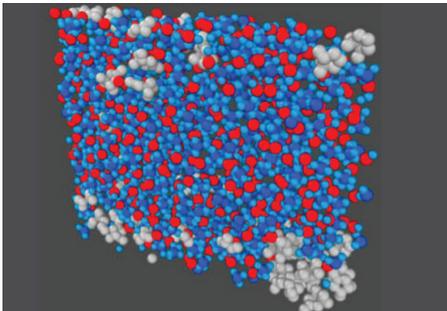
REFERENCE

Effantin G, Kandiah E & Pelosse M. Structure of AcMNPV nucleocapsid reveals DNA portal organization and packaging apparatus of circular dsDNA baculovirus. *Nature Communications* 2025

Révéler les longueurs d'échelle cachées dans les électrolytes concentrés

Stefano Mossa

Laboratoire Modélisation et Exploration des Matériaux



Les électrolytes sont au cœur de technologies telles que les batteries, les supercondensateurs et les biocapteurs. À faible concentration, une théorie de Debye-Hückel prédit que les ions s'écrantent mutuellement sur une distance caractéristique – la longueur de Debye – qui *diminue avec l'augmentation de la concentration*. Cependant, à des concentrations plus élevées, des expériences de SFB ont révélé des longueurs d'écrantage qui *augmentent de façon inattendue avec la concentration*, atteignant plusieurs dizaines, voire centaines, de diamètres ioniques. Ce résultat surprenant est en contradiction avec les simulations et la théorie, soulevant des questions fondamentales sur les interactions électrostatiques dans les électrolytes complexes.

En utilisant des simulations de dynamique moléculaire à grande échelle sur un électrolyte modèle, le tétrafluoroborate de lithium dissous dans le carbonate d'éthylène, les auteurs ont exploré de manière systématique les propriétés structurales, diélectriques et de transport sur une large gamme de concentrations. La comparaison directe avec les expériences de SFB a révélé deux échelles distinctes : une longueur d'écrantage électrostatique qui *diminue avec la concentration* et une échelle croissante associée à la taille de **domaines ioniques**.

Une collaboration internationale impliquant une équipe du **CEA-Irig/MEM** a directement comparé des simulations à des expériences de Surface Force Balance (SFB) résolvant l'origine du phénomène d'écrantage anormal dans les électrolytes concentrés.

La décroissance à longue portée observée expérimentalement est ainsi attribuée à la croissance de ces domaines, et non à des forces électrostatiques étendues, fournissant une explication cohérente et sans paramètre ajustable.

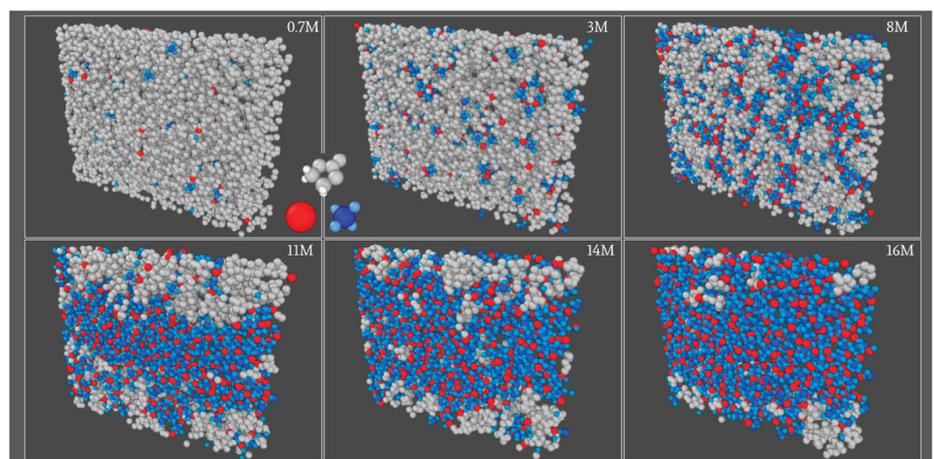
Ce travail résout une divergence de longue date entre théorie, simulations et expériences, en montrant que l'écrantage anormal reflète la **formation collective de structures ioniques**. Au-delà de l'élucidation d'un

puzzle fondamental, ces résultats ouvrent la voie à la conception d'électrolytes avancés pour les technologies de stockage d'énergie et de détection de nouvelle génération.

Cette recherche a été menée en collaboration avec l'Université de Ioannina, en Grèce. Elle a été soutenue par l'Agence Nationale de la Recherche (ANR) dans le cadre du programme France 2030 (projet ANR-22-PEBA-0002) et par le projet MoveYourlon (ANR-19-CE06/0025).

REFERENCE

Skarmoutsos I. and Mossa S. Length scales in electrolytes *J. Chem. Phys* 2025



Configurations représentatives issues de simulations de dynamique moléculaire aux concentrations de sel indiquées, avec les cations Li^+ en rouge, les anions BF_4^- en bleu et les molécules de carbonate d'éthylène en gris. À mesure que la concentration en sel augmente, les ions isolés fusionnent pour former des amas plus importants, conduisant à la formation d'un réseau percolant, puis à une séparation de phases. © CEA.

L'analyse rigoureuse du co-séquencage unicellulaire des microARN permet de mieux comprendre leurs interactions

Laurent Guyon

Laboratoire Biologie et Biotechnologies pour la Santé



Les techniques de co-séquencage unicellulaire (miARN + ARN messagers) offrent une opportunité unique pour explorer, cellule par cellule, les relations entre un miARN et ses gènes cibles. Mais leur interprétation statistique nécessite des précautions méthodologiques.

La régulation de l'expression des gènes par les **microARN*** (miARN) constitue un champ de recherche majeur en biologie et en médecine. Ces petites molécules non codantes contrôlent finement la production de protéines et leur dérégulation est impliquée dans de nombreuses pathologies. Comprendre précisément leur mode d'action reste toutefois un défi scientifique.

Dans une étude parue en 2025 dans *Nature Communications*, une équipe du **CEA-Irig/Biosanté** a conduit une nouvelle analyse critique de données pionnières publiées en 2019. Alors que ces premières analyses concluaient que plusieurs miARN abondants régulaient l'expression d'un grand nombre de leurs cibles, les chercheurs démontrent qu'il s'agissait d'un artefact lié à des biais méthodologiques.

En appliquant une stratégie systématique et en partageant publiquement leurs codes d'analyse, ils montrent que :

- seul un miARN, *miR-92a-3p*, présente une anti-corrélation robuste avec de nombreux gènes cibles prédits,
- la majorité des miARN, y compris ceux très exprimés, n'exercent pas d'effet généralisé détectable,
- les choix des paramètres d'analyse (seuils d'expression, conservation évolutive des cibles, scores de prédiction) influencent les résultats, et doivent donc être standardisés.

Au-delà de cette révision critique, le travail établit des **bonnes pratiques pour l'exploitation**

des données de co-séquencage unicellulaire. Il insiste sur la nécessité d'évaluer la qualité des prédictions des cibles et propose d'utiliser ces données comme outils de référence pour améliorer les algorithmes de bioinformatique.

Ces avancées renforcent la fiabilité des conclusions que l'on peut tirer du co-séquencage unicellulaire, une technologie en plein essor. Elles contribueront à mieux comprendre le rôle des miARN dans les maladies complexes et à ouvrir des perspectives pour la médecine personnalisée, où les miARN apparaissent comme des biomarqueurs et des leviers thérapeutiques prometteurs.

Ce travail confère à l'équipe une compétence reconnue et rare dans l'analyse des jeux de données de co-séquencage à l'échelle de la cellule unique, renforçant son positionnement de référence dans ce domaine émergent

Les microARN* jouent un rôle clé dans la régulation de l'expression des gènes en dégradant un ou plusieurs ARN messagers cibles. Mesurer simultanément l'expression des microARN et des ARNm dans chaque cellule, offre une approche physiologique unique pour explorer ces interactions.

REFERENCE

Velut L, Fancello L, Cherradi N & Guyon L.

Single-cell microRNA-mRNA co-sequencing techniques convey large potential...

Nature Communications 2025

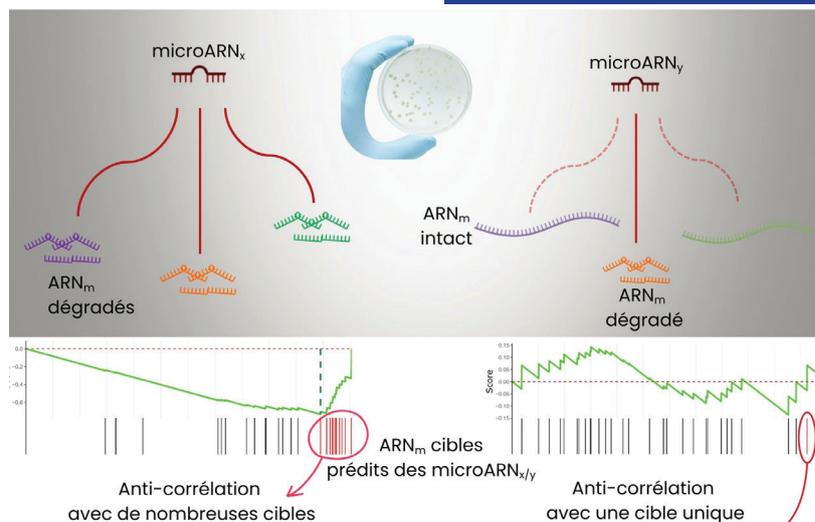
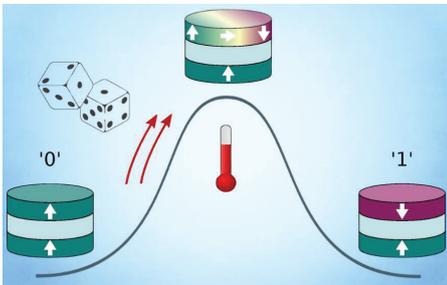


Figure : analyse statistique de co-séquencage miARN-ARNm en cellule unique. **À gauche**, un microARN dégradant plusieurs cibles ARNm, identifiées à la fois par un algorithme de prédiction et par une forte anticorrélation d'expression. **À droite**, un microARN n'agissant que sur une seule cible, illustrant la diversité des mécanismes de régulation

Des nano-neurones magnétiques opèrent aléatoirement en quelques nanosecondes

Philippe Talatchian

Laboratoire Spintronique et Technologie des Composants



Les chercheurs du laboratoire **CEA-Irig/SPINTEC** sont les premiers à mesurer des durées ultra brèves séparant deux inversions d'aimantation thermiquement activées dans des jonctions tunnel superparamagnétiques. Ces éléments à faible consommation d'énergie sont envisagés pour servir de nano-neurones au sein de calculateurs frugaux dédiés à une intelligence artificielle plus sobre.

A l'ère où l'essor fulgurant de l'intelligence artificielle s'accompagne de coûts énergétiques exponentiellement croissants, une voie prometteuse consiste à exploiter le bruit thermique à température ambiante comme ressource de calcul ultra-sobre. Cette stratégie que la biologie semble déjà exploiter dans le cerveau — où le bruit aiderait les neurones à explorer et décider — a incité les chercheurs à concevoir des nano-composants bruités capables d'émuler des neurones au sein de puces électroniques dédiées au calcul. Pour ce faire, des nano-neurones de type mémoire magnétique ont été développés : les **jonctions tunnel superparamagnétiques*** (SMTJs).

Les **jonctions tunnel superparamagnétiques*** sont constituées d'une couche magnétique libre et d'une couche magnétique fixe, séparées par un isolant. L'orientation relative de l'aimantation dans ces couches, parallèle ou antiparallèle, correspond à deux états métastables séparés par une barrière d'énergie.

Dans cette étude, le design spécifique permet aux SMTJs d'être très sensibles au bruit thermique ambiant, à l'inverse des applications habituelles (mémoires et capteurs). En effet, de simples fluctuations thermiques peuvent inverser aléatoirement l'aimantation de la couche libre. Ainsi, ces SMTJs réagissent comme des neurones stochastiques binaires dont l'avantage est de consommer très peu d'énergie. Plus le temps d'attente moyen entre les renversements magnétiques est court, plus la vitesse de calcul est élevée.

Une équipe du **CEA-Irig/SPINTEC** a mis en évidence expérimentalement des temps d'attente entre renversements d'aimantation dans des jonctions tunnel superparamagnétiques à aimantation perpendiculaire et miniaturisées à 50 nm de diamètre, purement induits par des fluctuations thermiques. La mesure requiert de très faibles courants permettant d'observer les changements d'orientation de la couche magnétique libre à l'échelle de quelques nanosecondes, une échelle de temps jusqu'à présent jamais observée dans ces systèmes.

Les temps d'attente moyens ainsi mesurés sont très inférieurs aux prédictions des modèles habituels, ce que les chercheurs interprètent théoriquement par une contribution importante de l'entropie, augmentant la probabilité de franchir la barrière d'énergie séparant les états magnétiques de la SMTJ. L'entropie traduit le nombre de configurations magnétiques accessibles par le système.

Dans les SMTJs à aimantation perpendiculaire, les états intermédiaires où l'aimantation bascule progressivement de l'orientation parallèle à l'orientation antiparallèle (et inversement) sont nombreux. Cela contribue à une large entropie, en augmentant le nombre de différentes manières de transitionner entre les états.

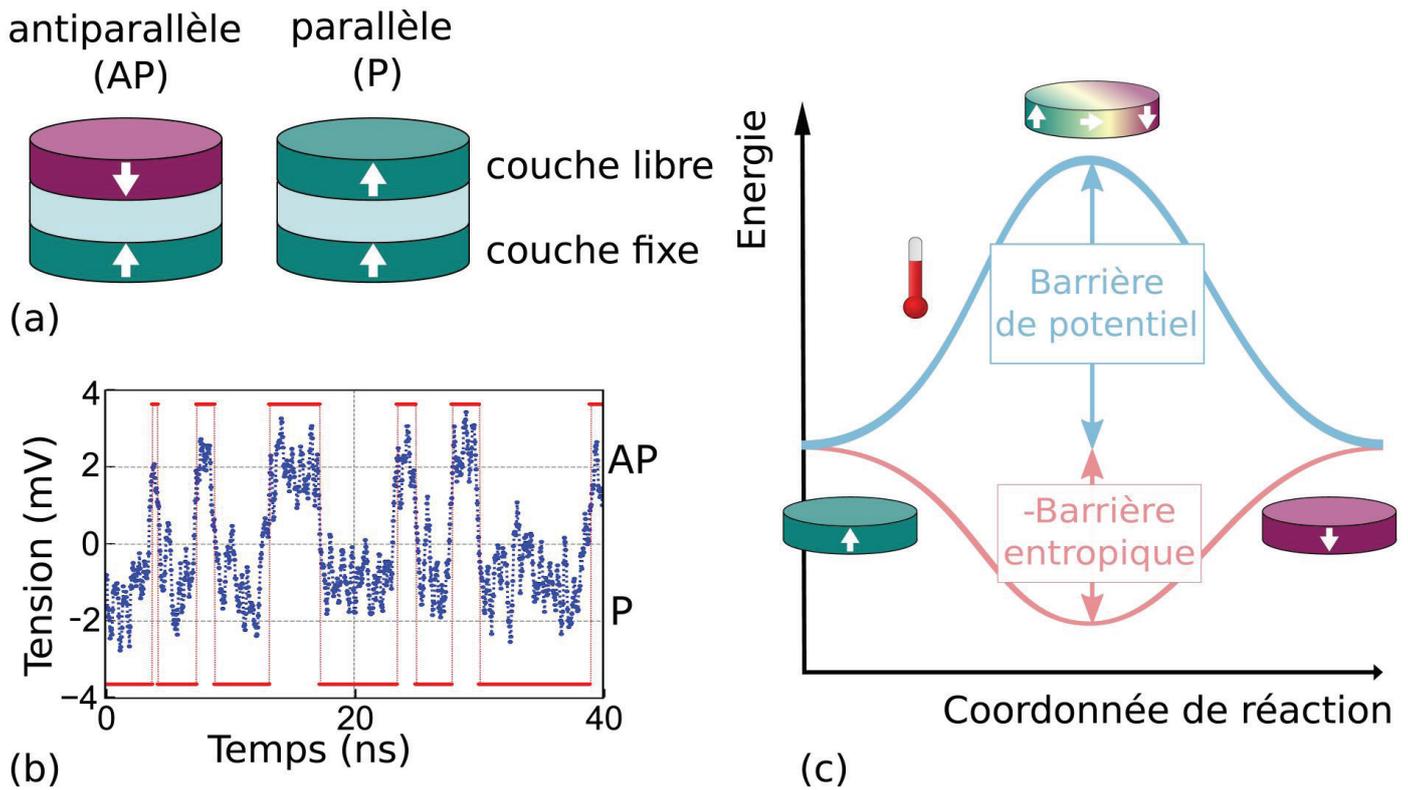


Figure © CEA

- (a) Schéma d'une jonction tunnel magnétique. La couche libre peut être parallèle (P) à la couche fixe (vert), ou anti-parallèle (AP) (violet).
- (b) Evolution temporelle de la tension dans une SMTJ montrant les temps d'attente entre renversements à l'échelle de quelques nanosecondes entre les états P (-2 mV) et AP (+2 mV).
- (c) Schéma du paysage énergétique associé au renversement d'aimantation

Sous l'effet de la seule énergie thermique, des jonctions tunnel magnétiques perpendiculaires d'un diamètre de quelques dizaines de nanomètres seulement, basculent aléatoirement d'un état à un autre, avec des temps d'attentes moyens ultra-brefs, de l'ordre de la nanoseconde

En capitalisant sur ces fluctuations comme mécanisme de renversement d'aimantation, ce travail ouvre la voie à la mise en œuvre d'éléments stochastiques pour le calcul neuromorphique à très faible consommation d'énergie.

Financements

- ANR (StochNet PRIME SPOT)
- NSF (CCF-CISE-ANR-FET-2121957)
- The French RENATECH network
- The University of Liège (Special Funds for Research, IPD-STEMA Programme)

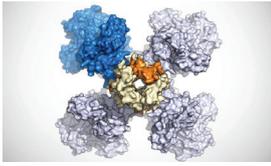
Collaboration

- National Institute of Standards and Technology
- Gaithersburg, Maryland
- USA University of Maryland
- College Park, Maryland, USA

REFERENCE

Soumah L et al.
Entropy-assisted nanosecond stochastic operation in perpendicular superparamagnetic tunnel junctions
Physical Review Applied 2025

Communiqués – Prix – Media



Découverte d'une nouvelle structure de protéine permettant de mieux comprendre le métabolisme énergétique bactérien

[pour en savoir +](#)



Lancement du PEPR MED-OOC

[pour en savoir +](#)



Clemens Winkelmann nommé à l'Institut Universitaire de France

[pour en savoir +](#)



Nos cellules sont intelligentes! Science & mystère : décrypte l'image! sur la chaîne YouTube du CEA

[pour en savoir +](#)



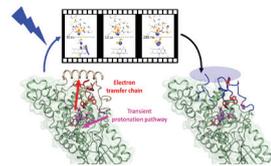
Observer en direct la dégradation d'une batterie en surcharge, c'est possible

[pour en savoir +](#)



Revue SFP Reflets de la physique
Stimulation mécanique de cellules vivantes par vibrations de particules magnétiques

[pour en savoir +](#)



Un film moléculaire dévoile le mécanisme de la photoréception par un cryptochrome

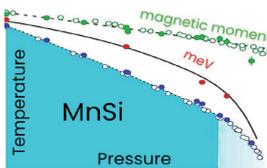
[pour en savoir +](#)



Mont-Blanc, la mémoire des neiges
Documentaire «Secrets sauvages du patrimoine» (Arte TV)

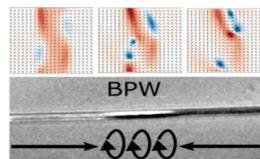
[pour en savoir +](#)

Autres résultats scientifiques des laboratoires



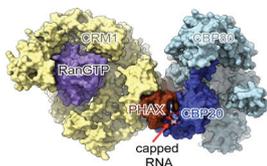
Origine de la suppression de l'ordre magnétique de MnSi sous pression hydrostatique

[site PHELIQS](#)



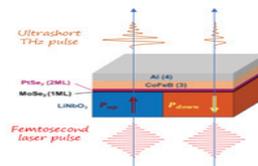
Topological analysis and experimental control of DW transformations in cylindrical wires

[site SPINTEC](#)



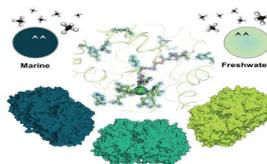
Comment les cellules envoient les petits ARN nucléaires vers le cytoplasme

[site IBS](#)



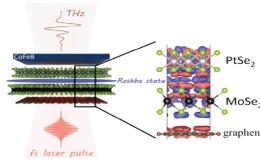
Modulating TeraHertz emission using 2D materials and ferroelectricity

[site SPINTEC](#)



Révélation de la machinerie de capture du méthane par des archées anaérobies

[site IBS](#)



Monolayer control of spin-charge conversion in van der Waals Heterostructures

[site SPINTEC](#)

Photonique Electronique
et Ingénierie Quantiques
CEA-UGA
www.Pheliqs.fr

Biologie et Biotechnologie
pour la Santé
CEA-Inserm-UGA
www.Biosante-lab.fr

Spintronique
et Technologie
des Composants
CEA-CNRS-UGA
www.Spintec.fr

Systèmes Moléculaires
et nanoMatériaux
pour l'Énergie et la Santé
CEA-CNRS-UGA
www.Symmes.fr

Institut de Biologie
Structurale
CEA-CNRS-UGA
www.IBS.fr

Modélisation et Exploration
des Matériaux
CEA-UGA
www.MEM-lab.fr

Chimie et Biologie
des Métaux
CEA-CNRS-UGA
www.CBM-lab.fr

Biosciences et Bioingénierie
pour la Santé
CEA-Inserm-UGA
www.BGE-lab.fr

Physiologie Cellulaire
et Végétale
CEA-CNRS-UGA-INRAE
www.LPCV.fr

Département des Systèmes
Basses Températures
CEA-UGA
www.d-SBT.fr



Suivez-nous sur LinkedIn

Institut de Recherche
Interdisciplinaire de
Grenoble

CEA
17 Avenue des Martyrs
38054 Grenoble Cedex 9

Directrice de la publication
Pascale Bayle Guillemaud
Editeur et format électronique
Alain Farchi

Comité de rédaction : Cyril Aumaitre, Christophe Battail, Jean-Pascal Brison, Renaud Dumas, Grégory Effantin, Laurent Guyon, Sylvain Martin, Stefano Mossa, Thierry Rabilloud, Philippe Talatchian, Alain Farchi, Emmanuelle Neumann, Mathilde Costes-Majorel

