

Rapport

8/12/2003

Dr Anne Houdusse – Institut Curie
Laboratoire de motilité structurale

Ligne : BM30a

30-01-631 : Etude structurale de myosines non-conventionnelles

30-01-634 : Etude structurale de petites protéines G

Date de la Manip : 3 shifts le 17-18 novembre 2003 (Local contact : Sonia Fieulaine)

Myosines V et VI – Nous n'avons pas réussi à obtenir une résolution satisfaisante sur ces deux projets, nous avons donc préféré utiliser le temps qui nous avait été alloué sur les projets concernant les petites protéines G.

GEM – Au cours de cette expérience, nous avons tenté de collecter un jeu de données sur des petits cristaux que nous avons obtenu de la forme GTP de la protéine GEM. Cependant, ces cristaux, trop petits ne nous ont pas permis d'obtenir un jeu de données exploitable. Les premières images collectées indiquaient un pattern de résolution allant jusqu'à 5 Å, au bout d'une vingtaine d'images, la résolution avait considérablement diminué. Cependant, nous avons pu collecter un jeu de données (2.5 Å) de la forme GDP de GEM cristallisée en absence de DTT (le DTT entraînant la cacodylation des cystéines de la protéine) permettant ainsi de s'affranchir d'une modification des cystéines non-relevante et gênante pour l'analyse de la structure. Nous attendons d'obtenir la structure de la forme GTP pour écrire une publication sur ces résultats.

Rab27a/MyRIP – Nous avons collecté deux jeux de données de ce complexe à 3.5 et 3.2 Å. Cependant, nous n'avons pas réussi à résoudre cette structure par remplacement moléculaire (ce résultat a été confirmé avec un 3e jeu de données (collecté sur ID14 à 2.3 Å) et par des expérimentateurs différents). C'est pourquoi, nous avons décidé de nous tourner vers la technique MAD pour résoudre cette structure, et avons à nouveau demandé du temps sur BM30A.

Rab6-Rab6IP1 – Nous avons pu collecter notre premier jeu de données à 5 Å, nous permettant de prendre connaissance de la maille et du groupe d'espace de ces cristaux. Nous utiliserons la technique du MAD pour résoudre la structure de ce complexe qui est constitué par un nouveau domaine dont la structure n'est pas encore connue. Nous allons aussi demander du temps sur la ligne BM30A pour obtenir ces données.