

21 juin 2004

A) Hugues Nury et Eva Pebay Peyroula (1.5 shifts)

Utilisation du Robot associé et Diffraction de petits cristaux en mode normal

La diffraction de cristaux de transporteur de nucléotides, contenus dans des gouttes suspendues, ainsi que celle de cristaux de lysozyme ayant poussé en phase cubique, a été testé à l'aide du robot de la ligne. Ces tests ont donné des résultats mitigés : nous n'avons pas réussi à observer de réseau de diffraction pour les cristaux de transporteur à température ambiante. Des cristaux prélevés dans ces gouttes et congelés ont pourtant pu permettre l'observation de tâches pour des résolutions allant jusqu'à 6 Angstroms environ. La comparaison des images de diffraction semble écarter la possibilité que la diffraction dans les gouttes soit systématiquement cachée par le fond diffus.

Nous avons pu enregistrer des images dans seulement un puit du porte-échantillon destiné aux phases cubiques. Nous avons également testés des cristaux congelés de transporteur issus de phase cubique.

B) Laurence Serre (0.5 shift)

Diffraction d'une nouvelle forme cristalline de DsbA mutante.

Le plus grand cristal diffracte jusqu'à 3.3 Å de résolution.

80° ont été enregistrés qui ont permis de faire l'indexation des taches de diffraction mais les images sont difficiles à intégrer.

C) Isabetl Garcia et Franck Kozielski

Five crystals obtained with the MKLP-1 motor domain under different crystallization conditions were tested. All crystals appeared to be salt.

Two different crystals from drops performed with the human motor domain Eg5 were tested and were also salt crystals.

Four crystals of human CENP-E obtained under different crystallization conditions were tested. Only one of this condition appeared to be salt crystal, the rest being protein. Our aim is

to find different crystals forms, based on the different conditions, which will be more suitable for soaking inhibitors. Data analysis is under way.

A crystal of motor domain CENP-E soaked during 8h with one inhibitor was tested. One data collection was performed (180 images, max. resolution 2.7Å,  $\lambda=0.9797$  Å). The crystal is monoclinic P21. A second data set from of CENP-E obtained by co-crystallization with a second inhibitor was obtained (180 images, max. resolution 2.7Å,  $\lambda=0.9797$  Å). The structures have been solved by molecular replacement using the native monomer as a model. The analysis of the structures is under way.

All crystals used were flash-frozen directly in the beam-line.