

# La cristallographie des macromolécules : défis d'hier et perspectives en biologie structurale

**Dominique HOUSSET**

*(Institut de Biologie Structurale, Direction des Sciences du Vivant)*

*courriel : [dominique.houssel@ibs.fr](mailto:dominique.houssel@ibs.fr)*

Depuis des décennies, la diffraction des rayons X permet de déterminer les structures des composés de la chimie minérale et de la chimie organique, pourvu que l'on puisse obtenir ces composés sous la forme de monocristaux. La première structure cristalline d'une macromolécule, la myoglobine, fut déterminée en 1958. Nous décrivons les avancées qui ont permis l'émergence de la cristallographie des macromolécules et la détermination de 93000 structures répertoriées dans la base de données des protéines (Protein Data bank ou PDB) actuelle. Par exemple, l'estimation des phases, information essentielle pour calculer la densité électronique, a longtemps représenté un obstacle majeur. D'autres progrès ont profondément transformé ce domaine et seront également évoqués. Bien que 89% des structures tridimensionnelles de macromolécules enregistrées dans la PDB aient été déterminées par cristallographie aux rayons X, la place de la résonance magnétique nucléaire et de la cryomicroscopie électronique en biologie structurale est loin d'être négligeable. Nous envisagerons la complémentarité qui pourra exister entre ces différentes techniques dans les années à venir.

**Jeudi 11 décembre 2014**

CEA/Saclay - l'Orme des Merisiers  
Amphi Claude Bloch, Bât. 774

**11h00**

Accueil café 10h45