

Sujet de stage Semestre 4 - Master 2<sup>ème</sup> année  
[IBMP](#) | 2021-2022

**Titre/Title**

**Contrôle de qualité des ARN en réponse à un stress UV**

**RNA quality control and UV stress**

**Contacts**

**Co-responsables du projet :**

GAGLIARDI Dominique  
GARCIA Damien  
[dominique.gagliardi@ibmp-cnrs.unistra.fr](mailto:dominique.gagliardi@ibmp-cnrs.unistra.fr)  
[damien.garcia@ibmp-cnrs.unistra.fr](mailto:damien.garcia@ibmp-cnrs.unistra.fr)

**Responsable de l'équipe :**

GAGLIARDI Dominique  
<http://www.ibmp-cnrs.fr/teams/rna-degradation/?lang=en>

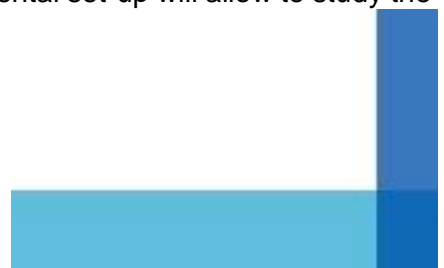
**Description du projet | Project Description**

La dégradation des ARN régule efficacement l'expression des génomes et est également requise pour l'élimination d'ARN non-fonctionnels (Contrôle de qualité des ARN). Un des objectifs de notre équipe est l'identification de nouveaux acteurs de la dégradation des ARN chez *Arabidopsis thaliana* et la caractérisation de leurs rôles au cours du développement ou en réponse à des stress biotiques ou abiotiques. Nous avons ainsi récemment observé des altérations phénotypiques en réponse à une exposition aux UV (UV-B et UV-C), dans plusieurs mutants affectés dans des facteurs importants pour la dégradation des ARN messagers (ARNm).

**Le but de ce projet est d'identifier les ARN dérégulés en réponse à un stress UV dans des mutants de dégradation des ARNm.** L'étudiant(e) utilisera un prototype mis à disposition dans le cadre d'un partenariat avec une entreprise privée et permettant de délivrer des flashes intenses d'UV-C. Ce dispositif expérimental permettra l'étude cinétique de l'évolution du transcriptome par RNA-seq. L'étudiant(e) sera tout d'abord formé(e) à l'utilisation du prototype et produira le matériel nécessaire à l'analyse RNA-seq. La seconde partie du Master sera consacrée à l'analyse et à la validation des résultats RNA-seq. Deux protocoles d'analyse seront utilisés. Le premier permettra une analyse classique de l'expression différentielle des gènes, afin d'identifier les rôles biologiques des facteurs de dégradation des ARN en réponse à un stress UV. Le second protocole d'analyse, récemment développé, permettra d'apprécier les demi-vies des ARNm dérégulés. L'ensemble de ces données permettra de mieux comprendre l'importance des mécanismes de dégradation des ARN en réponse à un stress abiotique. Au cours de ce projet, l'étudiant(e) acquerra des compétences en biologie moléculaire et analyse de données RNA-seq.

RNA degradation efficiently regulates the expression of genomes and is also required for the removal of non-functional RNA (RNA Quality Control). One of the objectives of our team is to identify new actors of RNA degradation in *Arabidopsis thaliana* and characterize their roles during development or in response to biotic or abiotic stresses. We have recently observed phenotypic alterations in response to UV exposure (UV-B and UV-C), in several mutants affected in factors important for the degradation of messenger RNAs (mRNA).

The aim of this project is to identify deregulated RNAs in response to UV stress in mRNA degradation mutants. The student will use a prototype made available through a partnership with a private company to deliver intense UV-C flashes. This experimental set-up will allow to study the



dynamic evolution of the transcriptome by transcriptomics. The student will be trained in the use of the prototype and will produce the material necessary for the RNA-seq analysis. The second part of the Master will be devoted to the analysis and validation of RNA-seq results. Two analysis protocols will be used. The first will allow a classical analysis of differential gene expression, in order to identify the biological roles of RNA degradation factors in response to UV stress. The second analysis uses a recently developed protocol and will allow to assess the half-lives of deregulated mRNAs. Altogether these data will provide a better understanding of the importance of RNA degradation mechanisms in response to an abiotic stress. During this project, the student will acquire skills in molecular biology and RNA-seq data analysis.

**Méthodologies** (mots clés) : techniques variées de biologie moléculaire et analyses de données RNA-seq/various molecular biology techniques and RNA-seq data analyses

**Parcours de Master** (cochez le ou les parcours souhaités) :

Master « Sciences du Vivant », Faculté des Sciences de la Vie, Université de Strasbourg

- 1- Biologie et génétique moléculaire : ✓
- 2- Microbiologie :
- 3- Plantes, biologie moléculaire et biotechnologies : ✓
- 4- Plantes, environnement et génie écologique :
- 5- Plantes, molécules bioactives et valorisation :
- 6- Virologie :
- 7- Autres masters équivalents en France ou à l'étranger :