

Sujet de stage Semestre 4 - Master 2^{ème} année

IBMP | 2024-2025

Titre/Title

Français : **Mécanismes moléculaires de l'uridylation des ARNm dans la graine**

English : **Molecular mechanisms of mRNA uridylation in seeds**

Contacts

Responsable du projet :

ZUBER Hélène

Tél: (0)3 67 15 53 81

Courrier-E : helene.zuber@ibmp-cnrs.unistra.fr

Responsable de l'équipe :

GAGLIARDI Dominique/ZUBER Hélène

Tél : (0)3 67 15 53 66 / (0)3 67 15 53 81

Courrier-E : dominique.gagliardi@ibmp-cnrs.unistra.fr

Lien page web de l'équipe :

<https://www.ibmp-cnrs.fr/equipes/degradation-des-arn/>

Description du projet | *Project Description*

Français :

Les graines ont une importance biologique et économique capitale. Leurs caractéristiques agronomiques, telles que leur vigueur et leur valeur nutritionnelle, sont établies au cours de leur développement sous le contrôle de processus complexes incluant la régulation post-transcriptionnelle. Au cours de la dernière décennie, l'uridylation de l'ARNm, c'est-à-dire l'ajout d'uridines à l'extrémité 3' des ARNm, est apparue comme une modification répandue déstabilisant les ARNm eucaryotes, jouant ainsi un rôle clé dans la régulation post-transcriptionnelle. Les derniers résultats de notre équipe révèlent l'importance de l'uridylation au cours de la maturation de la graine chez Arabidopsis. En particulier, la perte d'URT1, la principale enzyme responsable de l'uridylation des ARNm, a un impact important sur le transcriptome des graines matures par rapport à d'autres tissus de la plante. Pour élucider les mécanismes associés à l'uridylation des ARNm chez Arabidopsis, des approches à haut débit basées sur le séquençage d'Oxford Nanopore Technologies (ONT) ont été mises en place pour analyser les profils d'uridylation. Ces analyses montrent une accumulation et un allongement des queues uridylées des ARNm au cours de la maturation des graines, reflétant ainsi une activité accrue de URT1 et/ou un ralentissement de la dégradation des ARNm uridylés.

Le projet de Master consistera à participer à la compréhension des mécanismes aboutissant à ce changement de profils d'uridylation dans la graine en développement et à l'étude des conséquences sur le métabolisme des ARNm. Dans ce but, l'étudiant utilisera une approche ciblée basée sur le séquençage ONT pour analyser les profils d'uridylation d'ARNm cibles à différents stades de développement de la graine et pour différents mutants impactés dans les voies de dégradation des ARNm. Il évaluera également l'impact de l'inactivation de URT1 sur la dégradation des ARNm grâce à la méthode GMUCT qui permet d'analyser les intermédiaires de dégradation. Au cours de ce projet, l'étudiant(e) acquerra des connaissances théoriques sur le métabolisme et les modifications de l'ARN, une formation pratique à la biologie moléculaire et aux méthodes de séquençage à haut débit, et sera formé à l'analyse bioinformatique.

English :

Seeds are of vital biological and economic importance. Their agronomic characteristics, such as their vigor and nutritional value, are established during their development under the control of complex processes including post-transcriptional regulation. Over the past decade, mRNA uridylation, *i.e.* the addition of uridines to the 3' end of mRNAs, has emerged as a widespread modification destabilizing eukaryotic mRNAs, thus playing a key role in post-transcriptional regulation. The latest results from our team reveal the importance of uridylation during seed maturation in Arabidopsis. In particular, the loss of URT1, the main enzyme responsible for mRNA uridylation, has a large impact on the transcriptome of mature seeds compared to other plant tissues. To elucidate the mechanisms associated with mRNA uridylation in Arabidopsis, high-throughput approaches based on Oxford Nanopore Technologies (ONT) sequencing were established to analyze uridylation profiles. These analyses show accumulation and elongation of mRNA U-tails during seed maturation, thus reflecting an increase in URT1 activity and/or a slowdown in the degradation of uridylated mRNAs.



The Master's project will contribute to understanding the mechanisms leading to this change in uridylation profiles in the developing seed and to studying the consequences on mRNA metabolism. To this end, the student will use a targeted approach based on ONT sequencing to analyze the uridylation profiles of target mRNAs at different stages of seed development and for different mutants impacted in mRNA degradation pathways. The student will also evaluate the impact of URT1 inactivation on mRNA degradation using the GMUCT method which allows the analysis of degradation intermediates. During this project, the student will acquire theoretical knowledge of RNA metabolism and modifications, practical training in molecular biology and in high-throughput sequencing methods, and will be trained in bioinformatics analysis.

Méthodologies (mots clés) : Oxford Nanopore Technologies – GMUCT – Bioinformatics – RNA

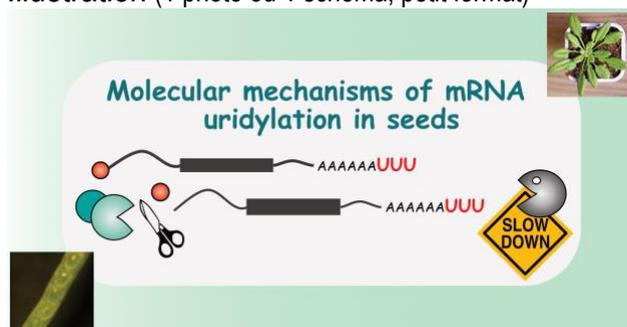
Références (maximum 3) :

Giraud P et al. *Methods Mol Biol.* 2024 (doi: [10.1007/978-1-0716-3481-3_14](https://doi.org/10.1007/978-1-0716-3481-3_14))

Scheer, Almeida et al. *Nature communications* 2021 (<https://doi.org/10.1101/2020.05.26.114322>)

De Almeida et al. *WIREs RNA* 2018 (<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/wrna.1440>)

Illustration (1 photo ou 1 schéma, petit format)



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