Sujet de stage Semestre 4 - Master 2ème année
IBMP | 2024-2025

Titre/Title

Français : **Caractérisation d'un déterminant moléculaire contrôlant la taille des queues poly(A) des ARNm**

English : **Characterization of a molecular determinant controlling the size of mRNA poly(A) tails**

Contacts

Responsable du projet :
GAGLIARDI Dominique
dominique.gagliardi@cnrs.fr

Responsables de l'équipe :
GAGLIARDI Dominique
dominique.gagliardi@cnrs.fr/
ZUBER Hélène
helene.zuber@cnrs.fr

Lien page web de l'équipe
http://www.ibmp.cnrs.fr/equipes/degradation-des-arn/

Description du projet (20 lignes max) | *Project Description (20 lines max.)*

Français :

La polyadénylation est une étape cruciale de la biogenèse des ARNm chez les eucaryotes. Des avancées technologiques récentes permettent maintenant d'étudier les distributions des queues poly(A) à l'échelle du transcriptome. Ces analyses ont révélé une variabilité gène-à-gène importante des profils de polyadénylation. Un de nos objectifs est d'identifier les mécanismes impliqués dans l'établissement de ces profils particuliers et de comprendre leur impact dans la régulation de l'expression génique chez Arabidopsis. Une étape essentielle en vue de cet objectif a été de récapituler pour certains ARNm des profils particuliers de queues poly(A) en utilisant un système d'expression transitoire hétérologue et le séquençage par Nanopores. Ces outils ont permis d'identifier une séquence d'une dizaine de nucléotides présente dans la 3' UTR de certains ARNm et régulant la taille de leurs queues poly(A). **L'objectif de ce stage sera de participer à la caractérisation de ce déterminant moléculaire contrôlant la taille des queues poly(A) des ARNm, afin de comprendre son impact sur la régulation de l'expression des gènes**.

Deux axes complémentaires seront développés. Le premier axe consistera en une meilleure caractérisation du motif par mutagenèse et analyse des profils de polyadénylation associés. L'étudiant(e) utilisera un protocole développé par l'équipe pour analyser les profils des queues poly(A) en utilisant **le séquençage par Nanopores**. Elle/il sera également formé à l'analyse bio-informatique des résultats. Le deuxième axe sera consacré à l'étude fonctionnelle (impact sur traduction, stabilité) de cet élément en utilisant des lignées exprimant des ARNm rapporteurs contenant des versions sauvages ou mutées du motif.

Au cours de ce stage, l'étudiant(e) acquerra des connaissances théoriques et pratiques sur le métabolisme des ARNm, les méthodes d'analyse des ARN par séquençage Nanopore (de la préparation des échantillons à l'analyse bio-informatique des résultats) et des techniques de génétique inverse chez Arabidopsis.

English :

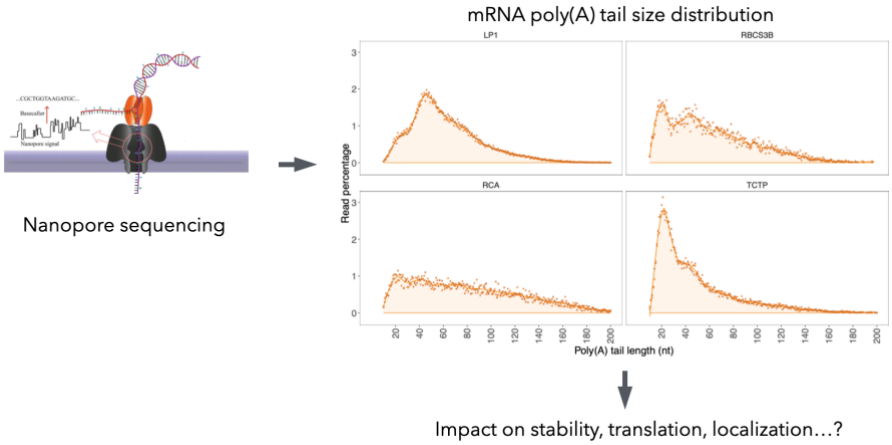
Polyadenylation is a crucial step in mRNA biogenesis in eukaryotes. Recent technological advances now make it possible to study the distributions of poly(A) tails at the transcriptome level. These analyzes revealed significant gene-to-gene variability in polyadenylation profiles. One of our objectives is to identify the

mechanisms involved in the establishment of these particular profiles and to understand their impact in the regulation of gene expression in Arabidopsis.
An essential step towards this objective was to recapitulate particular profiles of poly(A) tails for certain mRNAs using a heterologous transient expression system and Nanopore sequencing. These tools made it possible to identify a sequence of around ten nucleotides present in the 3' UTR of certain mRNAs and regulating the size of their poly(A) tails. **The objective of this internship will be to participate in the characterization of this molecular determinant controlling the size of the poly(A) tails of mRNAs, in order to understand its impact on the regulation of gene expression.**
Two complementary axes will be developed. The first axis will consist of a better characterization of the motif by mutagenesis and analysis of the associated polyadenylation profiles. The student will use a protocol developed by the team to analyze poly(A) tail profiles using Nanopore sequencing. She/he will also be trained in the bioinformatics analysis of the results. The second axis will be devoted to the functional study (impact on translation, stability) of this element using lines expressing reporter mRNAs containing wild or mutated versions of the motif.
During this internship, the student will acquire theoretical and practical knowledge on mRNA metabolism, RNA analysis methods by Nanopore sequencing (from sample preparation to bioinformatics analysis of results) and reverse genetics techniques in Arabidopsis.

Méthodologies (mots clés) : Nanopore sequencing ; bioinformatic analyses ; reverse genetics ; molecular biology ; Arabidopsis

Références :
https://www.ibmp.cnrs.fr/publications/?team=3237

Illustration :



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 : ✔