

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

IBMP | 2025-2026

Titre/Title

Français : Identifier l'interactome protéique d'un facteur d'assemblage du ribosome chloroplastique chez la plante *Arabidopsis*

English : Identifying the composition of the *in vivo* protein interactome of a chloroplastic ribosomal assembly factor in *Arabidopsis* plants

Contacts

Responsable du projet :

NOM Prénom HAMMANI Kamel
Tél: 03 67 15 52 81
Courrier-E : khammani@unistra.fr

Responsable de l'équipe :

NOM Prénom HAMMANI Kamel
Tél :
Courrier-E : khammani@unistra.fr
Lien page web de l'équipe
<https://www.ibmp.cnrs.fr/equipes/adaptation-genetique-du-chloroplaste/>

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

Français : Le chloroplaste est l'organe où se déroule la photosynthèse ainsi que de nombreuses voies métaboliques essentielles à la productivité des plantes et à leur adaptation aux stress biotiques ou abiotiques. D'origine endosymbiotique bactérienne, le chloroplaste possède un génome d'environ 120 gènes. La traduction de ces gènes constitue une étape clé de la biogenèse du chloroplaste, assurée par un ribosome chloroplastique de type 70S. Ce complexe ribonucléoprotéique est composé de deux sous-unités multimériques, dont l'assemblage s'effectue de manière séquentielle grâce à des facteurs protéiques spécifiques. Nous avons identifié au laboratoire un gène nucléaire chez *Arabidopsis* codant une protéine de liaison à l'ARN, mTERF9, qui est importée dans les chloroplastes et stimule à la fois l'assemblage du ribosome et la traduction chloroplastique (Méteignier et al., NAR 2021). Des expériences de co-immunoprécipitation couplées à une analyse protéomique ont révélé que cette protéine se lie à l'ARN ribosomique 16S et interagit principalement avec des protéines de la petite sous-unité 30S du ribosome chloroplastique. Toutefois, le mécanisme précis par lequel mTERF9 orchestre l'assemblage du ribosome mature 70S reste mal compris. L'objectif du projet de master sera d'identifier le réseau minimal d'interactions de mTERF9. Pour cela, une lignée d'*Arabidopsis* exprimant, dans un fond mutant *mterf9*, une version de la protéine étiquetée avec un tag Myc ou fusionnée à la protéine TurboID sera utilisée pour isoler les complexes protéiques minimaux associés à mTERF9 *in vivo* par colP/MS, ainsi que son réseau d'interactions par marquage de proximité (« proximity labelling »).

English : The chloroplast is the organelle where photosynthesis takes place, along with numerous metabolic pathways essential for plant productivity and adaptation to biotic and abiotic stresses. Of bacterial endosymbiotic origin, the chloroplast harbors a genome of about 120 genes. The translation of these genes is a key step in chloroplast biogenesis, carried out by a 70S-type chloroplast ribosome. This ribonucleoprotein complex is composed of two multimeric subunits, which are assembled step by step with the help of specific protein factors. In our laboratory, we identified a nuclear gene in *Arabidopsis* encoding an RNA-binding



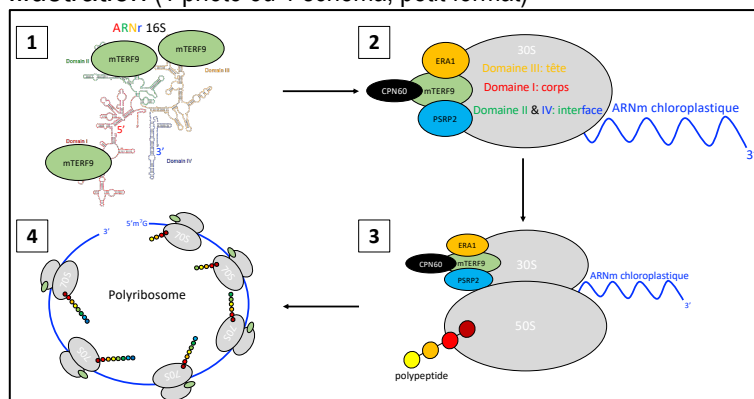
protein, mTERF9, which is imported into chloroplasts and promotes both ribosome assembly and chloroplast translation (Méteignier et al., NAR 2021). Co-immunoprecipitation experiments combined with proteomics analysis revealed that mTERF9 binds to the 16S ribosomal RNA and interacts primarily with proteins of the small 30S subunit of the chloroplast ribosome. However, the precise mechanism by which mTERF9 orchestrates the assembly of the mature 70S ribosome remains unclear. The aim of this Master's project is to elucidate the minimal interaction network of mTERF9. To this end, an Arabidopsis line expressing, in a mterf9 mutant background, either a Myc-tagged version of the protein or a fusion with TurboID will be used to isolate the minimal protein complexes associated with mTERF9 in vivo through colP/MS, and to map its interaction network by proximity labeling.

Méthodologies (mots clés) : immunoprécipitation, protéomique, biochimie, proximity labelling, génétique

Références (maximum 3) :

Méteignier LV, Ghandour R, Zimmerman A, Kuhn L, Meurer J, Zoschke R, Hammani K (2021) Arabidopsis mTERF9 protein promotes chloroplast ribosomal assembly and translation by establishing ribonucleoprotein interactions in vivo. **Nucleic Acids Res** 49(2): 1114-1132.

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 : X
- 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