



CONCOURS IRIC SCIENTIFIQUES DE DEMAIN 2026

PROJETS DE STAGES



INSTITUT DE RECHERCHE
EN IMMUNOLOGIE ET
EN CANCÉROLOGIE



Université 
de Montréal

CONCOURS IRIC SCIENTIFIQUES DE DEMAIN 2026

PROJETS DE STAGES

Projet # 1	Régulation des mécanismes de la mitose par les phosphatases Sous la supervision de Vincent Archambault	p. 3
Projet # 2	Caractérisation de biocapteurs à base de circuits nanoélectriques Sous la supervision de Delphine Bouilly	p. 4
Projet # 3	Validation des profils de signalisation de FPR2 après stimulation par agonistes pro- et anti-inflammatoires Sous la supervision de Michel Bouvier	p. 5
Projet # 4	L'étude des mécanismes régulant les changements métaboliques dans les cancers du sein résistants aux thérapies anti-tumorales Sous la supervision de Geneviève Deblois	p. 6
Projet # 5	Optimisation des analyses métagénomiques pour le séquençage de l'exome complet et du génome entier Sous la supervision de Carino Gurjao	p. 7
Projet # 6	Rôle des partenaires d'interaction de SCL dans le développement hématopoïétique et la leucémie Sous la supervision de Trang Hoang	p. 8
Projet # 7	Définir les mécanismes moléculaires menant au développement des leucémies aiguës Sous la supervision de Trang Hoang	p. 9
Projet # 8	Modèles cellulaires pour le cancer et la médecine régénérative Sous la supervision de David Knapp	p. 10
Projet # 9	Mixologie computationnelle: construire des reponses cellulaires complexes a partir d'un vocabulaire minimal de petites molecules Sous la supervision de Sébastien Lemieux	p. 11
Projet # 10	Mécanismes d'action d'agents de chimiothérapie utilisés dans le traitement du cancer Sous la supervision de Sylvie Mader	p. 12
Projet # 11	Optimisation de composés à visée thérapeutique Sous la supervision de Anne Marinier	p. 13
Projet # 12	Stimulation de voies de signalisation impliquées dans la mort cellulaire et la sénescence comme stratégie thérapeutique Sous la supervision de Matthew J. Smith	p. 14



Projet de stage #1

Régulation des mécanismes de la mitose par les phosphatases

Sous la supervision de Vincent Archambault
Unité de recherche en Régulation du cycle cellulaire

DESCRIPTION DU PROJET

Les cancers sont dus à des dérèglements des mécanismes qui contrôlent la prolifération cellulaire. Comprendre la division cellulaire en termes moléculaires aide à identifier des cibles thérapeutiques. Pour entrer en mitose, une cellule doit briser son noyau, condenser ses chromosomes et construire un fuseau. Cette transition est déclenchée par la phosphorylation de plusieurs protéines effectrices par des kinases pour modifier leurs activités. Pour compléter la mitose, la cellule doit ségréger ses chromosomes, reformer un noyau dans chaque cellule fille défaire le fuseau et réorganiser la chromatine. Cette transition requiert la déphosphorylation de plusieurs protéines par des phosphatases.

Le projet proposé visera à comprendre le rôle de certaines phosphatases dans la régulation des centrosomes ou du nucléole dans le cycle mitotique. La mouche à fruits drosophile sera utilisée comme modèle expérimental hautement versatile. Les mécanismes moléculaires qui contrôlent la division cellulaire sont fortement conservés entre la mouche et l'humain. Les connaissances acquises permettront de mieux comprendre les défauts de mitose dans les cellules cancéreuses et pourraient aider le développement de nouvelles approches thérapeutiques ciblant notamment les phosphatases.

Le projet de stage impliquera de la culture et génétique de drosophile, de la microscopie à fluorescence en cellules vivantes et tissus vivants et fixées, de la culture cellulaire, de la biologie moléculaire et de la biochimie. Le ou la stagiaire sélectionné(e) sera supervisé(e) et travaillera en équipe avec une étudiante au doctorat et une agente de recherche qui mènent déjà les recherches sur cette thématique dans notre laboratoire. Le projet sera conçu de manière à permettre à la personne d'acquérir une certaine autonomie et générer des résultats qui pourront être intégrées à une publication.

Voir le site web externe du labo (avec films): <http://www.archambault.irc.ca>

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Culture de cellules humaines
Microscopie
Biologie moléculaire
Biochimie
Génétique

POUR PLUS D'INFORMATIONS

irc.ca/recherche/chercheurs-principaux/vincent-archambault
archambault.irc.ca



Projet de stage #2

Caractérisation de biocapteurs à base de circuits nanoélectroniques

Sous la supervision de Delphine Bouilly

Unité de recherche en Conception et application de nanobiocapteurs électroniques

DESCRIPTION DU PROJET

Dans notre laboratoire, nous travaillons au développement de biocapteurs électroniques pour la détection de protéines et d'acides nucléiques. Ces capteurs sont basés sur des transistors à effet de champ (FET) à base de nanomatériaux de carbone fonctionnalisés, comme le graphène et les nanotubes de carbone. Les capteurs FET à base de nanocarbone forment une technologie prometteuse pour la détection de biomarqueurs, offrant des avantages uniques tels que la simplicité, la fabrication à faible coût et la lecture électrique en temps réel sans marquage moléculaire. Le but de ce stage sera d'optimiser les interactions de surface entre des biomolécules et les dispositifs en nanocarbone, au moyen d'une combinaison de mesures électriques des nanocapteurs, de microscopie de surface à haute résolution et/ou de méthodes computationnelles. Ces expériences serviront à optimiser la sensibilité de ces capteurs pour la détection de biomarqueurs associés au cancer.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Microfabrication & micro/nanoélectronique

Chimie de surface

Réactions de bioconjugaison

Microscopie haute-résolution

Méthodes computationnelles

POUR PLUS D'INFORMATIONS

<https://www.irc.ca/fr/recherche/chercheurs-principaux/delphine-bouilly>



Projet de stage #3

Validation des profils de signalisation de FPR2 après stimulation par agonistes pro- et anti-inflammatoires

Sous la supervision de Michel Bouvier
Unité de recherche en Pharmacologie moléculaire

DESCRIPTION DU PROJET

Le projet porte sur les voies de signalisation impliquées dans la régulation de l'inflammation par le récepteur couplé aux protéines G, FPR2 (n-formyl peptide receptor 2). Nous avons identifié des différences de signalisation entre les ligands pro- et anti-inflammatoire par la technique de BRET (Bioluminescence Resonance Energy Transfer). En effet, seuls les ligands anti-inflammatoires sont capables de provoquer l'internalisation du récepteur, et il semble exister des voies $G\alpha$ spécifiques aux ligands pro-inflammatoires.

Le but du stage sera de confirmer que les voies $G\alpha$ identifiées par BRET sont responsables de la réponse pro- ou anti-inflammatoires observées avec des cellules immunitaires différenciées en macrophages, en utilisant des techniques de biologie moléculaire (RT-qPCR, ELISA) et à l'aide d'inhibiteurs pharmacologiques et de manipulations génétiques.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Cytométrie en flux
RT-qPCR
ELISA
Culture cellulaire

POUR PLUS D'INFORMATIONS

iric.ca/fr/recherche/chercheurs-et-chercheuses-principaux/michel-bouvier



Projet de stage #4

L'étude des mécanismes régulant les changements métaboliques dans les cancers du sein résistants aux thérapies anti-tumorales

Sous la supervision de Geneviève Deblois

Unité de recherche en Mécanismes épigénétiques et métabolisme du cancer

DESCRIPTION DU PROJET

Une caractéristique commune des cancers agressifs est leur capacité à tolérer l'exposition aux traitements anti-tumoraux telles les chimiothérapies. Le développement de la résistance aux chimiothérapies s'accompagne de changements du métabolisme des cellules cancéreuses. En plus de répondre aux besoins énergétiques, anaboliques et antioxydants des cellules cancéreuses résistantes, ces changements métaboliques peuvent aussi affecter l'identité des cellules cancéreuses en modifiant leur épigénomes, puisque les enzymes de modification de la chromatine sont régulés par l'abondance de certains métabolites. Il est donc important de comprendre comment les cellules cancéreuses adaptent leur métabolisme lors du développement de la résistance aux thérapies afin d'améliorer l'efficacité des traitements anti-tumoraux. Nous avons identifié des changements métaboliques qui contribuent à la survie des cellules du cancer du sein lors l'exposition à certaines chimiothérapies. Nos travaux suggèrent que ces changements métaboliques affectent certaines modifications épigénétiques des cellules de cancer du sein résistantes à la chimiothérapie. Le but de ce stage est de mieux comprendre les mécanismes qui régulent cette reprogrammation du métabolisme ainsi que leurs conséquences sur les profils épigénétiques des cellules de cancer du sein résistantes aux chimiothérapies. Ce projet permettra d'identifier de nouvelles vulnérabilités qui pourraient être exploitées pour mieux cibler les cancers du sein résistants à la chimiothérapie.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Biologie moléculaire
Culture cellulaire
Immunoprécipitation de chromatine
qPCR
Profilage métabolomique

POUR PLUS D'INFORMATIONS

<https://www.irc.ca/fr/recherche/chercheurs-principaux/genevieve-deblois>



Projet de stage #5

Optimisation des analyses métagénomiques pour le séquençage de l'exome complet et du génome entier

Sous la supervision de Carino Gurjao
Unité de recherche en Médecine génomique et intégrative

DESCRIPTION DU PROJET

Les données de séquençage de l'ADN en masse dans les tumeurs ont montré qu'elles contiennent un nombre substantiel de lectures de séquences d'origine microbienne, qui peuvent être classées de manière computationnelle pour identifier les taxons microbiens. Cependant, ce processus de classification est sujet à des erreurs en raison de la complexité biologique et des artefacts techniques, nécessitant ainsi une interprétation biologique rigoureuse pour éviter les erreurs de classification.

Responsabilités de l'étudiant(e):

- Apprendre les concepts clés de l'analyse génomique et métagénomique, en particulier la gestion des lectures de séquençage issues des ensembles de données WES et WGS.
- Identifier et analyser les biais introduits par différentes approches de séquençage (WES vs WGS) et leur impact sur la précision de la classification métagénomique.
- Réaliser des analyses de puissance pour estimer le nombre de lectures microbiennes nécessaires pour une détection et une classification métagénomiques précises dans les ensembles de données WES et WGS.
- Contribuer au développement de méthodes robustes pour minimiser les faux positifs dans la classification microbienne, améliorant ainsi l'interprétation des données de séquençage tumorales.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

- Programmation en Python ou R pour l'analyse et la visualisation des données.
- Familiarité avec la gestion et l'analyse des données de séquençage à haut débit, avec un accent particulier sur le WES et le WGS.
- Utilisation de méthodes statistiques pour l'analyse de puissance dans les études basées sur le séquençage.

POUR PLUS D'INFORMATIONS

<https://www.irc.ca/fr/recherche/chercheuses-et-chercheurs-principaux/carino-gurjao>



Projet de stage #6

Rôle des partenaires d'interaction de SCL dans le développement hématopoïétique et la leucémie

Sous la supervision de Trang Hoang
Unité de recherche en Hématopoïèse et leucémie

DESCRIPTION DU PROJET

Notre laboratoire s'intéresse aux mécanismes moléculaires responsables du développement de l'hématopoïèse et la formation de leucémies aiguës. Nous avons identifié des nouveaux partenaires d'interaction du complexe SCL, un complexe transcriptionnel multifactoriel agissant à plusieurs niveaux dans le système hématopoïétique. Le premier objectif du projet est de confirmer in vitro l'interaction des membres du complexe SCL et des nouveaux partenaires identifiés par différentes approches moléculaires. De plus, les conséquences fonctionnelles de ces interactions seront étudiées dans un système ex vivo reproduisant la niche hématopoïétique et permettant la différenciation des cellules souches primaires normales et leucémiques.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Biologie Moléculaire (qPCR, clonage)
Immunoprécipitation
Western Blot
Culture cellulaire (lignées et cellules primaires)
Cytométrie en flux
Génétique (modèle de souris)

POUR PLUS D'INFORMATIONS

<https://www.irc.ca/fr/recherche/chercheurs-principaux/trang-hoang>



Projet de stage #7

Définir les mécanismes moléculaires menant au développement des leucémies aiguës

Sous la supervision de Trang Hoang
Unité de recherche en Hématopoïèse et leucémie

DESCRIPTION DU PROJET

Nous avons identifié la sous-population de thymocytes à l'origine de la leucémie aiguë induite par les oncogènes SCL et LMO1. Pour engendrer la leucémie, ces cellules souches pré-leucémiques (pré-LSCs) doivent échapper à plusieurs contrôles moléculaires intrinsèques à la cellule. Le projet de recherche vise à comprendre comment les pré-LSCs arrivent à contourner ces mécanismes de surveillance et s'adapter au stress oncogénique. Une meilleure compréhension de ces mécanismes mènera à l'identification de vulnérabilités thérapeutiques et de médicaments pour le traitement ciblé des patients leucémiques.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Biologie Moléculaire (qPCR, clonage)
Immunoprécipitation
Western Blot
Culture cellulaire (lignées et cellules primaires)
Cytométrie en flux
Génétique (modèle de souris)

POUR PLUS D'INFORMATIONS

<https://www.irc.ca/fr/recherche/chercheurs-principaux/trang-hoang>



Projet de stage #8

Modèles cellulaires pour le cancer et la médecine régénérative

Sous la supervision de David Knapp
Unité de recherche en Ingénierie cellulaire

DESCRIPTION DU PROJET

Plusieurs projets sont disponibles en fonction de l'intérêt des candidat(e)s. Cela comprend la modélisation des commotions cérébrales et des thérapies pour les traiter à l'aide d'organoïdes cérébraux humains, la modélisation du développement de la leucémie par l'ingénierie du génome des cellules souches hématopoïétiques humaines primaires, ainsi que la modélisation informatique de la différenciation cellulaire et de la réponse au traitement dans les tumeurs pancréatiques. Les étudiant(e)s (dans le cadre de projets en laboratoire) effectueront des imageries de cellules vivantes, l'immunofluorescence, la cytométrie en flux, l'édition précise du génome par CRISPR/Cas9, clonage moléculaire et la culture de cellules souches. Les étudiant(e)s intéressé(e)s par les projets informatiques travailleront avec des données de scARN-seq et d'ATAC-seq, des modèles de réseaux de régulation génique classiques et basés sur l'IA, ainsi que des modèles de modélisation basés sur des agents. Ils travailleront sous la direction quotidienne d'un(e) doctorant(e) senior qui supervise le projet. Il y aura également des opportunités d'apprendre d'autres techniques et de contribuer à d'autres projets.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Culture cellulaire
Séparation magnétique de cellules
Nucleofection
Modification du génome par CRISPR
Imagerie de cellules vivantes
Cytométrie en flux
PCR
Électrophorèse en gel

POUR PLUS D'INFORMATIONS

<https://www.irc.ca/fr/recherche/chercheurs-principaux/david-knapp>



Projet de stage #9

Mixologie computationnelle: construire des réponses cellulaires complexes à partir d'un vocabulaire minimal de petites molécules

Sous la supervision de Sébastien Lemieux

Unité de recherche en Bio-informatique fonctionnelle et structurale

DESCRIPTION DU PROJET

Et si on pouvait recréer l'effet de milliers de médicaments en combinant intelligemment une trentaine de composés? Dans ce projet, vous explorerez l'hypothèse selon laquelle un petit groupe de quelques dizaines de molécules bien choisies permettrait de reproduire, par des mélanges en proportions précises, l'ensemble des réponses transcriptionnelles observées dans une lignée cellulaire cancéreuse comme MCF7 ou PC3. En vous appuyant sur la vaste base de données LINCS L1000 et un modèle pharmacologique classique (additivité de Loewe), vous évalueriez à quel point ces combinaisons peuvent « imiter » les effets d'autres composés, et combien de molécules de départ sont nécessaires pour couvrir l'espace des réponses biologiquement accessibles.

Vous utiliserez des représentations compactes des profils d'expression génique, apprises par réseaux de neurones, afin de simplifier les analyses tout en conservant l'information pertinente. À partir de ces représentations, vous simulerez des mélanges de composés selon un modèle d'effet additif, et testerez dans quelle mesure de petits sous-ensembles de molécules permettent de reconstruire des effets observés ailleurs dans le jeu de données. L'objectif final du stage est de concevoir un plan d'expérience prêt à être validé en laboratoire: une série de cocktails complexes, sélectionnés pour couvrir une grande diversité de réponses cellulaires, et optimisés pour une expérience de validation. Vous explorerez des milliers de combinaisons possibles, et apprendrez à reconnaître celles qui méritent d'être testées.

Ce projet s'adresse aux étudiant(e)s ayant déjà une bonne base en programmation (dans n'importe quel langage), et un intérêt pour l'analyse de données à grande échelle, l'intelligence artificielle et la biologie computationnelle. Vous serez amené à utiliser des outils à la fine pointe de la technologie, tel le langage de programmation haute performance Julia et le système Lux.jl pour la programmation de réseau de neurones. Aucune expérience préalable en Julia ou en réseaux de neurones n'est requise: notre équipe maîtrise bien ces outils et adore accompagner les stagiaires dans leur apprentissage! Tous les outils nécessaires pour manipuler les données LINCS sont déjà disponibles au laboratoire, et aucun travail en laboratoire humide n'est prévu. Si vous êtes curieux ou curieuse de comprendre comment les cellules réagissent à des combinaisons de molécules, et de découvrir comment simplifier cette complexité, ce stage vous offrira une opportunité stimulante, et beaucoup de liberté pour explorer.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Programmation haute performance Julia; Analyse de données à grande échelle

POUR PLUS D'INFORMATIONS

<https://www.irc.ca/fr/recherche/chercheuses-et-chercheurs-principaux/sebastien-lemieux>

<https://www.lemieux.irc.ca/>



Projet de stage #10

Mécanismes d'action d'agents de chimiothérapie utilisés dans le traitement du cancer

Sous la supervision de Sylvie Mader
Unité de recherche en Ciblage moléculaire dans le traitement du cancer du sein

DESCRIPTION DU PROJET

Les drogues utilisées pour traiter le cancer ont souvent des mécanismes d'action complexes et des effets secondaires non désirables. De plus, des mécanismes de résistance propres aux cellules cancéreuses peuvent limiter leur efficacité à supprimer la prolifération et la survie de ces cellules. Les cribles chimio-génomiques CRISPR-Cas9 effectués dans des modèles de cellules cancéreuses peuvent identifier les gènes de sensibilité et de résistance aux drogues en supprimant l'expression de chaque gène du génome dans des populations de cellules traitées ou non par ces molécules, grâce à la quantification des ARN guides enrichis ou perdus dans les cellules survivantes. Cette approche permet donc de mieux comprendre les mécanismes d'action et les voies possibles de résistance à ces molécules.

La responsabilité du / de la stagiaire sera de valider les cibles identifiées lors de telles campagnes de criblage en utilisant les technologies CRISPR-Cas9 ou shRNA pour supprimer/diminuer l'expression de ces gènes et des approches expérimentales pour tester l'expression et la fonction de ces cibles et l'impact de leur suppression sur la prolifération et la survie des cellules cancéreuses traitées par ces drogues.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Techniques d'ADN recombinant
Délétions géniques médiées par CRISPR-Cas9
Culture cellulaire
Cytométrie de flux
Tests de croissance et survie

POUR PLUS D'INFORMATIONS

<http://iric.ca/recherche/chercheurs-principaux/sylvie-mader>



Projet de stage #11

Optimisation de composés à visée thérapeutique

Sous la supervision d'Anne Marininer
Unité de recherche en Découverte de médicaments

DESCRIPTION DU PROJET

Ce stage en chimie organique et médicinale s'effectuera au sein de la plateforme de chimie médicinale de l'Institut de Recherche en Immunologie et Cancérologie (IRIC) sur le campus de l'Université de Montréal. Durant son stage, l'étudiant(e) travaillera avec une équipe expérimentée de chimistes sous la supervision directe d'un(e) scientifique de niveau Ph.D. et/ou M.Sc.

En partenariat avec une compagnie pharmaceutique majeure, la plateforme est engagée dans un programme de validation et d'optimisation de molécules biologiquement actives dans différents et stimulants projets de découvertes du médicament. Le travail englobe tous les aspects de la chimie organique de synthèse incluant la préparation, l'isolation, la purification et l'analyse spectrale des molécules nouvellement préparées. L'étudiant(e) aura également un accès privilégié aux données biologiques du programme. Ayant le souci de développer son expertise en chimie organique et médicinale, l'étudiant(e) participera à l'analyse de la relation structure-activité des molécules et suggérera de nouvelles directions de synthèses. Le travail nécessitera des aptitudes pour le travail d'équipe et une certaine facilité en communication écrite et orale. La tenue impeccable d'un livre de laboratoire est aussi essentielle à la fonction.

Au cours de son stage, l'étudiant(e) travaillera au sein d'une équipe multidisciplinaire (chimistes, biologistes, pharmacologistes, toxicologistes, chemo-informaticiens etc...) ayant une expérience approfondie de la découverte du médicament. L'étudiant(e) sera exposé à tous les aspects du processus de découvertes du médicament et aura la chance de contribuer de façon significative à un projet de recherche prometteur de chimie médicinale en découvertes du médicament dans le contexte d'une alliance université-industrie.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Chimie organique de synthèse:
Préparation, isolation, purification et analyse spectrale

POUR PLUS D'INFORMATIONS

<https://www.irc.ca/fr/recherche/chercheurs-principaux/anne-marinier>



Projet de stage #12

Stimulation de voies de signalisation impliquées dans la mort cellulaire et la sénescence comme stratégie thérapeutique

Sous la supervision de Matthew J. Smith

Unité de recherche en Signalisation dans le cancer et biologie structurale

DESCRIPTION DU PROJET

Les RAS sont des GTPases jouant un rôle crucial dans le développement normal, mais sont également responsables d'un nombre élevé de cancers et de troubles du développement appelés RASopathies. Les protéines RAS sont codées par trois proto-oncogènes: HRAS, KRAS et NRAS. Parmi celles-ci, les mutations KRAS représentent 22% de toutes les tumeurs, 61% des cancers du pancréas, 33% du côlon et 17% du poumon. Ces cancers sont parmi les plus réfractaires sur le plan clinique et représentent les 1^{ère}, 3^e et 4^e causes de décès par cancer dans le monde. Malgré de considérables efforts déployés au cours des dernières décennies, aucun médicament ciblant les RAS ne s'est montré cliniquement efficace. De nouvelles approches pour cibler ces protéines cancérogènes sont donc essentielles et les plus récentes se concentrent sur les effecteurs des RAS, par lesquelles ces dernières transmettent leurs signaux d'activation. Des thérapies actuelles inhibent ces voies activatrices, mais l'antithèse d'une telle approche, soit la modification ou la stimulation de voies contrôlant la mort cellulaire, devrait être tout autant efficace. Ainsi, ce projet de stage contribuera à notre travail en permettant une meilleure compréhension de la façon dont RAS interagit avec les protéines impliquées dans l'apoptose et le contrôle de la sénescence cellulaire. L'objectif final sera la création de mutants RAS capables de modifier le signal en vue d'une autodestruction efficace, en faisant éventuellement appel à de petites molécules de criblage servant à l'identification de composés ciblant les sites de mutation. Pour y arriver, nous devons d'abord caractériser la façon dont les protéines RAS et ses effecteurs interagissent au sens biochimique et structurel. Le stagiaire participera au clonage, à l'expression et à la production de ces protéines. Une fois les composants purifiés et isolés, un criblage sera nécessaire afin d'identifier les conditions de cristallographie en vue de l'éventuelle détermination de la structure des complexes RAS-effecteurs. Ce projet améliorera nos connaissances sur la biochimie et la biologie des RAS, avec pour objectif ultime d'améliorer le traitement, le diagnostic et la prévention des cancers causés par ces protéines.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Clonage

Biochimie des protéines

Cristallographie aux rayons X

Culture tissulaire

POUR PLUS D'INFORMATIONS

iric.ca/fr/recherche/chercheurs-principaux/matthew-smith
matt19smith.wixsite.com/iric