

CONCOURS IRIC SCIENTIFIQUES DE DEMAIN 2027

PROJETS DE STAGES



INSTITUT DE RECHERCHE
EN IMMUNOLOGIE ET
EN CANCÉROLOGIE

IRIC

Université de Montréal

CONCOURS IRIC SCIENTIFIQUES DE DEMAIN 2027

PROJETS DE STAGES

Projet # 1	Caractérisation de biocapteurs à base de circuits nanoélectriques Sous la supervision de Delphine Bouilly	p. 3
Projet # 2	Rôle de la glycosylation dans la progression métastatique du cancer du sein Sous la supervision de Marie-Anne Goyette	p. 4
Projet # 3	Optimisation des analyses métagénomiques pour le séquençage de l'exome complet et du génome entier Sous la supervision de Carino Gurjao	p. 5
Projet # 4	Modèles cellulaires pour le cancer et la médecine régénérative Sous la supervision de David Knapp	p. 6
Projet # 5	Mixologie computationnelle: construire des reponses cellulaires complexes a partir d'un vocabulaire minimal de petites molecules Sous la supervision de Sébastien Lemieux	p. 7
Projet # 6	Mécanismes d'action d'agents de chimiothérapie utilisés dans le traitement du cancer Sous la supervision de Sylvie Mader	p. 8
Projet # 7	Décoder la régulation post-transcriptionnelle à partir des ensembles structuraux de l'ARN Sous la supervision de François Major	p. 9
Projet # 8	Concevoir des ARN synthétiques ciblant plusieurs gènes simultanément Sous la supervision de François Major	p. 10
Projet # 9	Optimisation de composés à visée thérapeutique Sous la supervision de Anne Marinier	p. 11
Projet # 10	Stimulation de voies de signalisation impliquées dans la mort cellulaire et la sénescence comme stratégie thérapeutique Sous la supervision de Matthew J. Smith	p. 12
Projet # 11	Intégration de la pathologie computationnelle et de la transcriptomique spatiale aux bases de données massives cliniques Sous la supervision de Vincent Quoc-Huy Trinh	p. 13



Projet de stage #1

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

iric.ca/fr/recherche/chercheurs-principaux/delphine-bouilly



Projet de stage #2

Rôle de la glycosylation dans la progression métastatique du cancer du sein

Sous la supervision de Marie-Anne Goyette
Unité de recherche en hétérogénéité tumorale et métastases

DESCRIPTION DU PROJET

La glycosylation, une modification post-traductionnelle impliquant la fixation de sucres, est essentielle pour la régulation de nombreuses protéines contribuant à la progression du cancer. De plus, l'expression altérée des enzymes régulant la glycosylation est fréquente dans le cancer. L'exploration des glycans et des enzymes associés au cancer comme cibles thérapeutiques est prometteuse en cancérologie, et le domaine est en pleine émergence avec de nouvelles technologies. Par conséquent, nous étudions comment la glycosylation pourrait affecter les métastases et la réponse aux traitements dans le cancer du sein.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Culture cellulaire
Cytométrie en flux
Western blot
Immunofluorescence et microscopie

POUR PLUS D'INFORMATIONS

iric.ca/fr/recherche/chercheuses-et-chercheurs-principaux/marie-anne-goyette



Projet de stage #3

Évolution génomique des sarcomes sous pression thérapeutique

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

DESCRIPTION DU PROJET

Les sarcomes des tissus mous sont des cancers rares et hétérogènes, dont plusieurs sous-types présentent une forte instabilité génomique, notamment d'importantes variations du nombre de copies (CNV). Les traitements, généralement une combinaison de chimiothérapie, radiothérapie et chirurgie, exercent une forte pression de sélection sur les cellules tumorales et peuvent favoriser l'émergence de clones résistants. Pourtant, l'évolution génomique de ces tumeurs entre les périodes pré- et post-traitement demeure peu caractérisée. L'objectif de ce stage est de caractériser les changements génomiques associés au traitement des sarcomes des tissus mous. Le projet reposera sur une cohorte de sept patients disposant chacun d'un échantillon sanguin comme référence germinale ainsi que d'échantillons tumoraux pré- et post-traitement, analysés par séquençage de l'exome (WES) et du génome (WGS). La.e. stagiaire développera et appliquera des approches bioinformatiques pour identifier les mutations somatiques et les CNV dans chaque tumeur. Les profils pré- et post-traitement seront ensuite comparés afin d'identifier les altérations acquises, perdues ou enrichies au cours du traitement, avec une attention particulière portée aux gènes moteurs des sarcomes tels que TP53, RB1, CDKN2A/B, MDM2 et CDK4. L'intégration de ces données permettra d'explorer l'évolution clonale des tumeurs et d'identifier de potentiels mécanismes génomiques de résistance thérapeutique.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Ce stage offrira une formation pratique en génomique du cancer et bioinformatique, incluant l'analyse de données WES/WGS, la détection de variants somatiques et de CNV, le calcul haute performance ainsi que l'analyse et la visualisation de données génomiques sous R.

POUR PLUS D'INFORMATIONS

iric.ca/fr/recherche/chercheuses-et-chercheurs-principaux/carino-gurjao



Projet de stage #4

Modèles cellulaires pour le cancer et la médecine régénérative

Sous la supervision de David Knapp
Unité de recherche en Ingérierie 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.iric.ca/fr/recherche/chercheurs-principaux/david-knapp



Projet de stage #5

Mixologie computationnelle: construire des reponses cellulaires complexes a partir d'un vocabulaire minimal de petites molecules

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 évaluerez 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

iric.ca/fr/recherche/chercheuses-et-chercheurs-principaux/sebastien-lemieux
https://www.lemieux.iric.ca/



Projet de stage #6

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

iric.ca/recherche/chercheurs-principaux/sylvie-mader



Projet de stage #7

Décoder la régulation post-transcriptionnelle à partir des ensembles structuraux de l'ARN

Sous la supervision de François Major
Unité de recherche en ingénierie des ARN

DESCRIPTION DU PROJET

Les ARN existent sous la forme d'ensembles de structures plutôt que d'une conformation unique. Ce projet vise à comprendre comment ces ensembles influencent la reconnaissance des ARN par les protéines de liaison (RBPs) et les microARN. Le ou la stagiaire utilisera des outils de bioinformatique développés au laboratoire pour analyser des ensembles structuraux et relier leurs propriétés à des données expérimentales de régulation.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Bioinformatique et analyse de données
Structure de l'ARN et régulation post-transcriptionnelle
Programmation (Python ou Java, selon le profil)
Analyse statistique

POUR PLUS D'INFORMATIONS

iric.ca/fr/recherche/chercheuses-et-chercheurs-principaux/francois-major



Projet de stage #8

Concevoir des ARN synthétiques ciblant plusieurs gènes simultanément

Sous la supervision de François Major
Unité de recherche en ingénierie des ARN

DESCRIPTION DU PROJET

Les microARN régulent naturellement plusieurs gènes à la fois. Inspiré de ce principe, ce projet consiste à développer et évaluer des ARN synthétiques capables de cibler simultanément plusieurs ARN messagers impliqués dans une même voie biologique. Le ou la stagiaire participera à la conception informatique des molécules, à l'analyse de leur spécificité et à l'évaluation de leurs propriétés structurales.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Biologie des ARN et des microARN
Bioinformatique et conception de séquences
Analyse de réseaux de gènes
Programmation et science des données

POUR PLUS D'INFORMATIONS

iric.ca/fr/recherche/chercheuses-et-chercheurs-principaux/francois-major



Projet de stage #9

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)(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

iric.ca/fr/recherche/chercheurs-principaux/anne-marinier



Projet de stage #10

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 curcial 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 1ere, 3e et 4e 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 cancérigènes 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/chercheuses-et-chercheurs-principaux/matthew-smith
https://matt19smith.wixsite.com/iric matt19smith.wixsite.com/iric



Projet de stage #11

Intégration de la pathologie computationnelle et de la transcriptomique spatiale aux bases de données massives cliniques

Sous la supervision de Vincent Quoc-Huy Trinh
Unité de recherche en histologie digitale et pathologie avancée

DESCRIPTION DU PROJET

L'imagerie de lames entières est aujourd'hui courante dans les centres à haut volume, et les modèles de fondation auto-supervisés produisent des plongements de tuiles transférables entre organes, colorations et numériseurs. Il manque toujours une méthode générique permettant de convertir une lame archivée en une variable jointe à une table clinique. Les modèles ciblés demeurent interprétables mais coûteux : chacun est conçu pour une seule question, dépend d'une annotation par un pathologiste et survit rarement au transfert vers une nouvelle cohorte. Nous proposons C3Pro (cell-centred clustering and processing), un tokeniseur non supervisé qui déconvolue le tissu à l'échelle cellulaire et sémantise une lame entière en couches successives de données quantifiables. Les cellules sont segmentées sur des images à 40X, une tuile de 224 par 224 pixels est extraite à chaque centroïde, les tuiles sont encodées par UNIv2 et Google Path Foundation, puis les plongements sont réduits et regroupés par KNN et Leiden au score cLISI optimal. L'analyse de voisinage et l'allocation de Dirichlet latente permettent de retrouver les réseaux cellulaires et les thèmes régionaux récurrents dans le tissu. Le groupe cellulaire, la classe de voisinage et le thème spatial sont convertis en jetons exprimés en pourcentages, rattachés directement aux données cliniques. L'approche est évaluée sur une cohorte de 600 patients entièrement annotée comprenant 1178 lames entières ainsi que sur un jeu de données Xenium 5 000 gènes non publié portant sur 210 patients, le même tokeniseur étant étendu aux données moléculaires afin que morphologie et transcription partagent un vocabulaire unique. Des modèles de survie à gradient boosté sont ajustés parallèlement à des modèles de Cox pénalisés avec sélection par stabilité, les plis sont séparés au niveau du patient, la multiplicité est contrôlée par permutation de Westfall-Young et la taille du vocabulaire est fixée d'après le nombre d'événements observés. L'exactitude et l'indice de concordance sont comparés entre les modèles clinique, morphologique, transcriptomique et multimodal, et la robustesse aux variations de coloration et de numériseur est testée. Ce projet convertira une image passive en une modalité interrogeable et réutilisable dans les études ultérieures.

TECHNIQUES DE LABORATOIRE

Python, R, imagerie multiplexe, transcriptomique spatiale, pathologie, transformateurs de vision, modèles de fondation en pathologie

POUR PLUS D'INFORMATIONS

iric.ca/fr/recherche/chercheuses-et-chercheurs-principaux/vincent-q-trinh