

## Jour 1 du symposium : 19 octobre 2022

Heure	Intervenants	Sujet	Objectifs d'apprentissage
11 h à 11 h 15	Mot d'introduction : Terry Hébert		
11 h à 12 h 15	Terry Kenakin	Conférence principale 1 : Introduction à la découverte des médicaments	Comprendre comment le criblage des médicaments a évolué et comment il se fait actuellement.
12 h 15 à 12 h 45	Mick Bhatia	Criblage à haut contenu de cellules souches pluripotentes humaines à l'aide de la génomique chimique	Comprendre les exigences d'adaptation à la culture des cellules souches pluripotentes humaines (CSPH) en vue du criblage.  Apprendre les méthodes d'imagerie des CSPH utilisées pour mesurer l'autorenouvellement et la différenciation.  Explorer les stratégies de génomique chimique qui s'appliquent aux CSPH.
13 h à 13 h 30	Stéphane Angers	Cribles CRISPR à l'échelle du génome pour déterminer les voies de signalisation et les cibles thérapeutiques	Comprendre comment de tels cribles sont conçus et utilisés.  Comprendre le processus engagé lorsque des résultats positifs sont obtenus.

13 h 45 à 14 h 15	Jean-François Trempe	Mesurer le renouvellement des protéines dans des organoïdes de cellules souches pluripotentes humaines induites pour comprendre les maladies neurodégénératives	Comprendre comment les approches protéomiques peuvent être utilisées pour mesurer le renouvellement des protéines.
14 h 15 à 15 h	Table ronde avec participants		

## Jour 2 du symposium : 20 octobre 2022

Heure	Intervenants	Sujet	Objectifs d'apprentissage
11 h à 11 h 30	Laurent Sabbagh	Faire progresser la découverte de médicaments grâce au profilage à grande échelle de la signalisation de variants rares des RCPG présents dans les populations humaines à l'aide d'une technologie de biocapteur basée sur le transfert d'énergie par résonance de bioluminescence (BRET)	Comprendre comment établir le profil des signatures de signalisation des RCPG en utilisant des approches à base de biocapteurs.  Comprendre l'impact des variants naturels au sein de la population humaine sur la réponse d'un récepteur à son ligand naturel et sur la maladie pour mieux concevoir de nouveaux médicaments.
11 h 30 à midi	Joachim Goedhart	FRET à cellule unique	Comprenez comment les cribles à base de transfert d'énergie par résonance de fluorescence (FRET) à l'échelle de la cellule unique sont conçus, utilisés et analysés.  À l'aide des approches décrites ci-dessus, comprendre l'étendue et l'intégration de la signalisation cellulaire jusqu'au niveau de la cellule unique.

			Explorer les cadres analytiques permettant de donner un sens à ces ensembles de données.
12 h 15 à 13 h 15	Jace Jones-Tabah et Kyla Bourque	Analyse et visualisation des données des biocapteurs à cellule unique – séance pratique  <i>Note : aucun travail ou matériel préalable n'est exigé des participants</i>	Discuter des avantages et des limites de la mesure de l'activation des voies de signalisation à l'aide de biocapteurs fluorescents.  Comprendre les étapes de l'analyse des données fournies par un biocapteur pour une seule cellule par rapport à un ensemble de cellules.  Apprendre les méthodes d'analyse, de visualisation et d'interprétation des données.
13 h 30 à 14 h	Kyla Bourque	Stratégies d'expression des biocapteurs dans les CSPi et les organoïdes	Examiner les méthodes qui peuvent être utilisées pour introduire des biocapteurs génétiquement codés dans les CSPi et leurs dérivés différenciés (en particulier pour les cardiomyocytes et les neurones), ainsi que dans les modèles organoïdes 3D.  Explorer les avantages et les inconvénients de ces stratégies.
14 h à 14 h 30	Alia Arslanova	Analyse phénotypique de la fonction des cardiomyocytes	Comprendre les applications des cardiomyocytes dérivés de cellules souches pluripotentes induites humaines (CM-CSPih) en matière de modélisation des arythmies cardiaques. Identifier les techniques de phénotypage des CM-CSPi et étudier les

			mécanismes physiopathologiques sous-jacents à la maladie.
14 h 15 à 15 h 45	Graciela Pineyro	Conférence principale 2 : Classification des médicaments candidats en fonction des similitudes des profils de signalisation	Comprendre comment utiliser des profils complets de signalisation pour classer les médicaments candidats et apprendre à utiliser les catégories résultantes pour associer les profils de signalisation aux réponses <i>in vivo</i> souhaitées/non souhaitées.
16 h à 16 h 30	Table ronde avec participants		
16 h 30 à 16 h 45	Remarques de clôture		