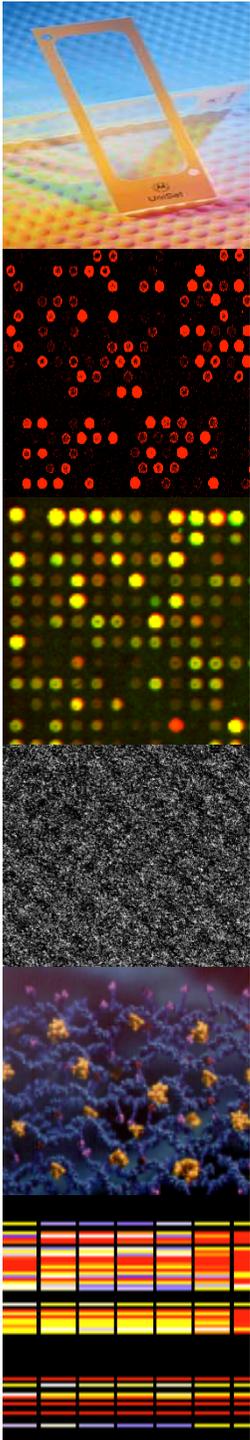


<http://www.profilexpert.fr>

## Plateforme de Génomique & Microgénomique



# Gouvernance

## □ HISTORIQUE

- Mise en place en 2003, par l'Inserm, les HCL, l'UCBL-1,
- Fusionnée en 2008 avec le Lab. de Caractérisation des Tumeurs (LCMT), Dir. C. Dumontet,
- Labelisée Ibis en juillet 2009.

## □ GOUVERNANCE

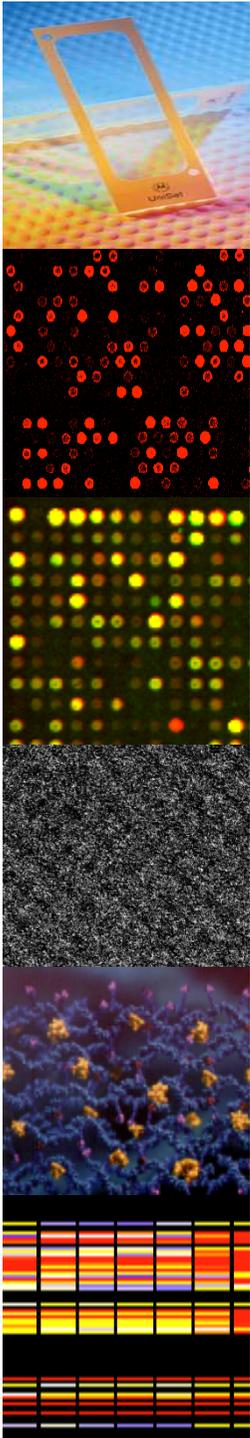
- Gouvernance UCBL1,
- Localisée sur le pôle Est et rattachée au SFR-Est,
- Direction : Dir. J. Lachuer – Co-Direction. C. Dumontet,
- Resp. scientifique : C. Legras-Lachuer



**Inserm**



Hôpitaux de Lyon



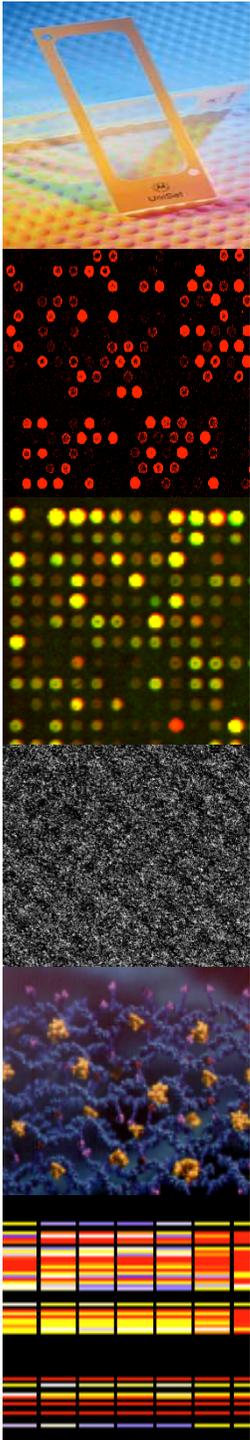
# Missions / Activités

## ☐ MISSIONS, ACTIVITÉS

- Activité de Génomique « à haut débit » par les technologies à haut débit (microarrays et séquençage)
- Domaines : Transcriptome - Epigénome – Génome
- Spécificités : Microgénomique et Génomique Intégrative
- Missions : Service – Formation - R&D

## ☐ NIVEAU D'ACTIVITÉS

- 60-90 prestations/an , CA 300-400k€/an (Frais de maintenance)
- 10aine de workshops, formation > 30aine de personnes, partenaire BIOPROTECH
- >40 publications , 3 brevets



# Equipe/ Equipements

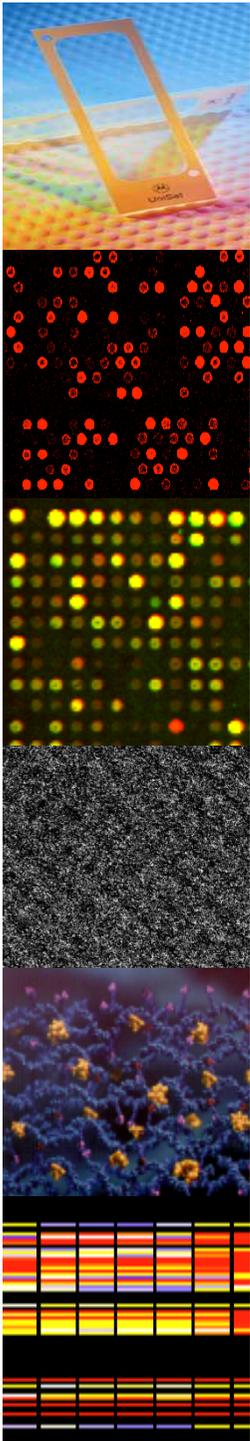
## ☐ RESSOURCES HUMAINES : Equipe de 15 personnes

- 5 chercheurs-enseignants,
- 3 ingénieurs bioinformaticiens
- 4 ingénieurs biologistes moléculaires
- 2 techniciens biologistes moléculaires
- 1 assistante gestion.

- 1 chercheur post-doctorant,
- 2 étudiants en thèse

## ☐ EQUIPEMENTS : 1.5M€

- Préparation des échantillons (microdissection, lignées)
- Purification des acides nucléiques
- Transcriptome, génotypage, épigénome (microarrays)
- Validation des données (PCR temps réel, en série)
- Analyse bioinformatique des données (logiciels d'analyse)



# Equipement ProfileXpert

## PURIFICATION AC NUC

Bioanalyzer 2100, Agilent  
Nanodrop, Fluorometre, Cubit

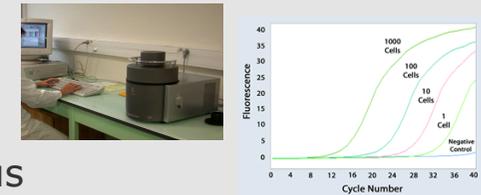


## PREP. ECHANTILLONS

LCM : Microdissecteur Arcturus

## VALIDATION DONNÉES

qPCR : Light Cycler Roche  
TLDA 7900 Applied



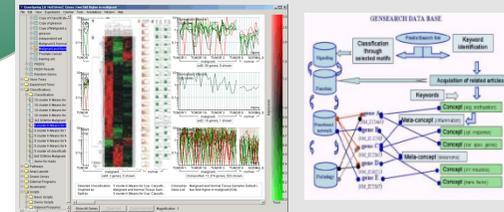
## TRANSCRIPTOME/GÉNOME

Microarrays :  
CodeLink, Agilent, Affymetrix (2),  
Nimblegen, Iscan/Illumina

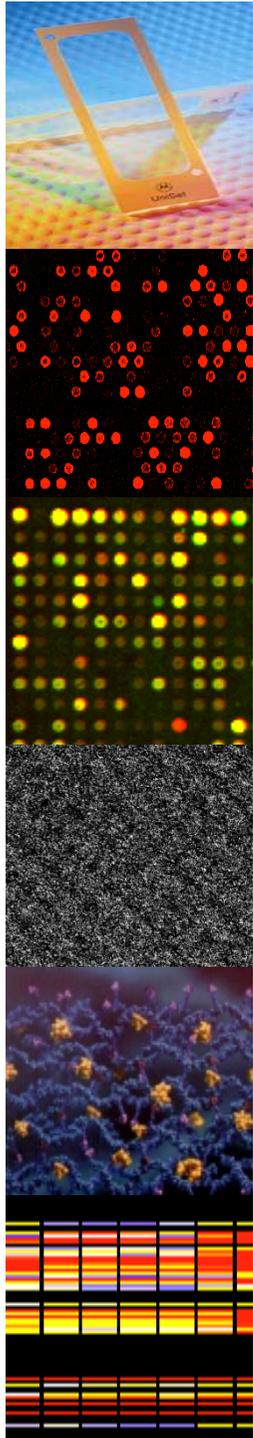


## ANALYSES DONNÉES

Logiciels : GeneSpring, Pathway  
Architect, Ingenuity, Array Exon

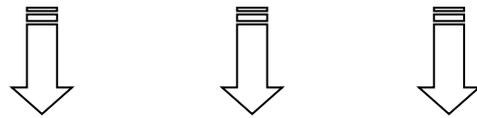


# Pourquoi plusieurs technologies ?

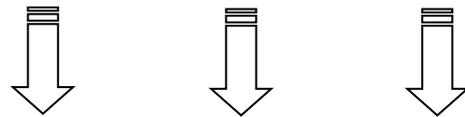


## TRANSCRIPTOME

Activité  
Transcriptionnelle globale



mRNA (\*)    variants RNA    new RNA



**Puces expression**    **Puces exons**    **Puces tiling**

## EPIGÉNOME

Régulation  
d'expression



miR    MeDIP chip    ChIP chip



**Puces miR**    **Puces promoteur**

## GÉNOME

Structure du  
génomme

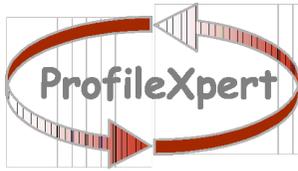
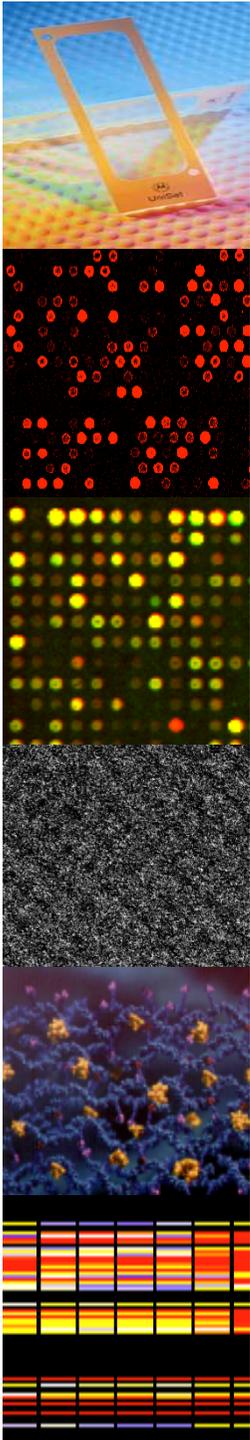


SNP    CGH  
CNV-LOH



**Puces SNP**    **Puces CGH**

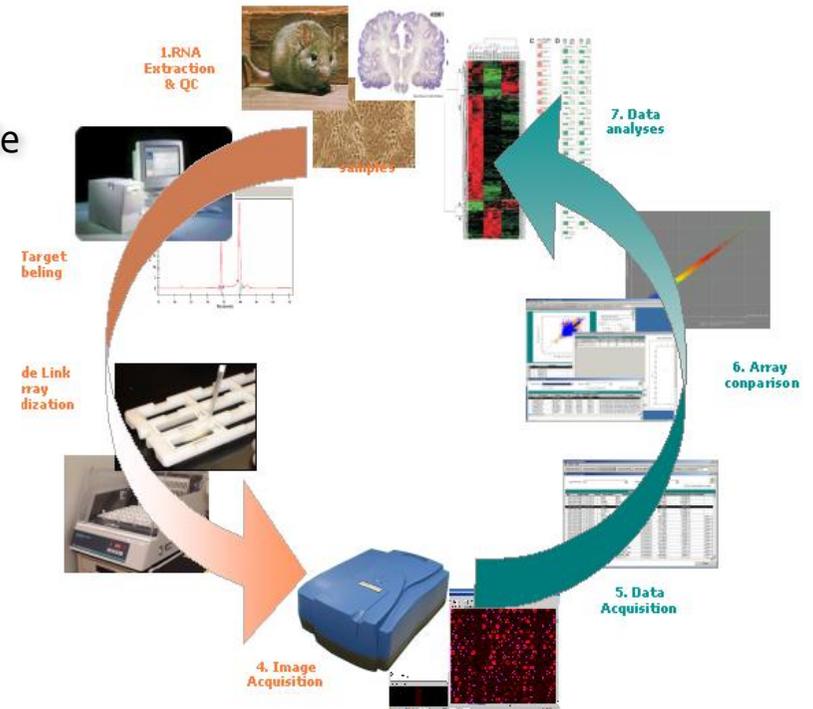
Affymetrix	+	+	+	+	+	+	+
Agilent	+	+	-	+	+	+	+
Codelink	+	-	-	-	-	-	-
Nimblegen	+	-	-	-	+	-	+

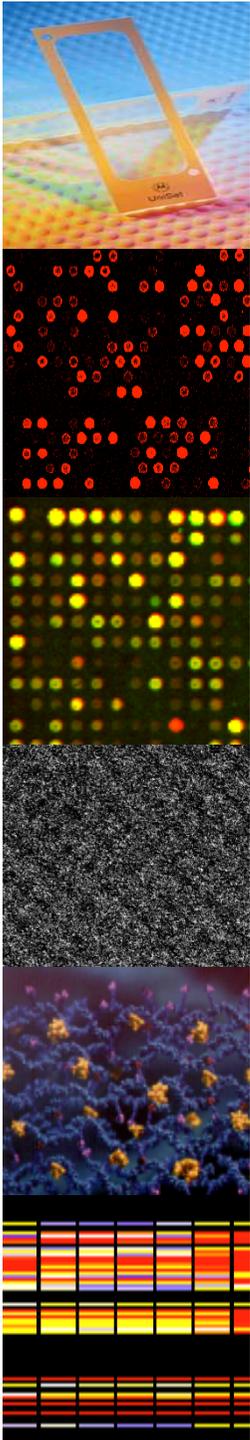


# Prestations de Service et de R&D

## Du traitement des échantillons à l'analyse des données

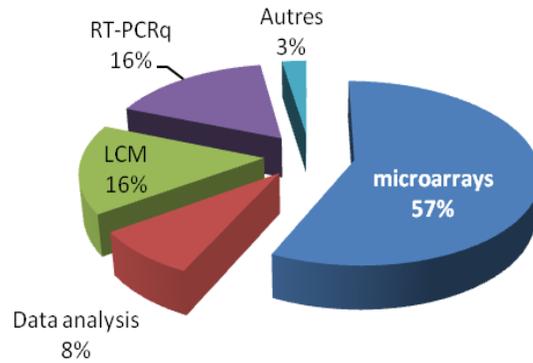
- Microdissection laser par LCM
- Etablissement de lignées lymphoïdes
- Purification d'acides nucléiques
- Profils transcriptome standards et à partir de microquantités
- Recherche de variants d'épissage
- Recherche de nouveaux transcrits
- Profils de petits ARN (mi RNA, snRNA...)
- Recherche de méthylation par MeDIP-chip
- Interaction ADN/protéine par CHIP-chip
- Profils de génotypage (CNV, LOH, SNP) standards et à partir de microquantités
- Quantification d'ARN par RT-PCR en temps réel
- Traitement bio-informatique des données



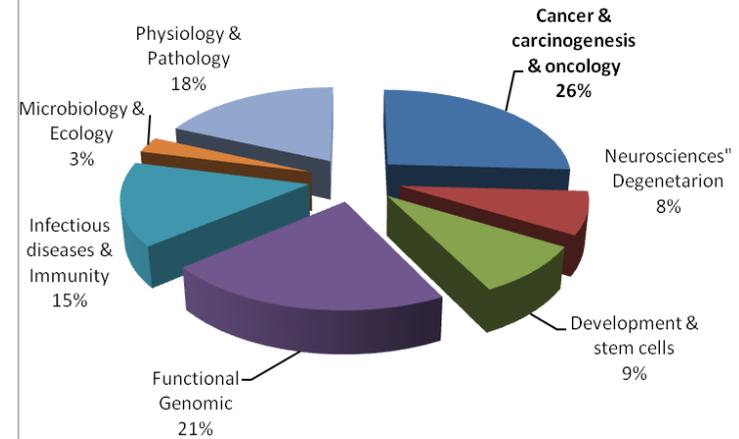


# Répartition/activités

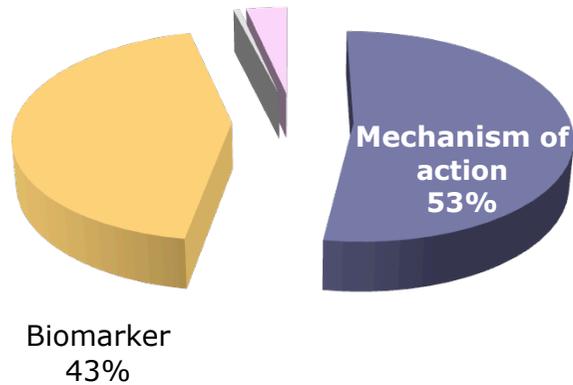
**Répartition/Types de prestations  
(Prestations 2003-2009)**



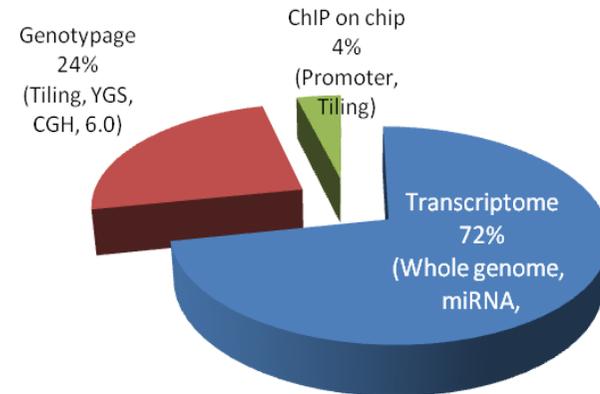
**Répartition/Topics  
(prestations 2003-2009)**

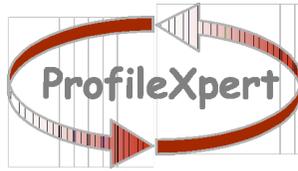
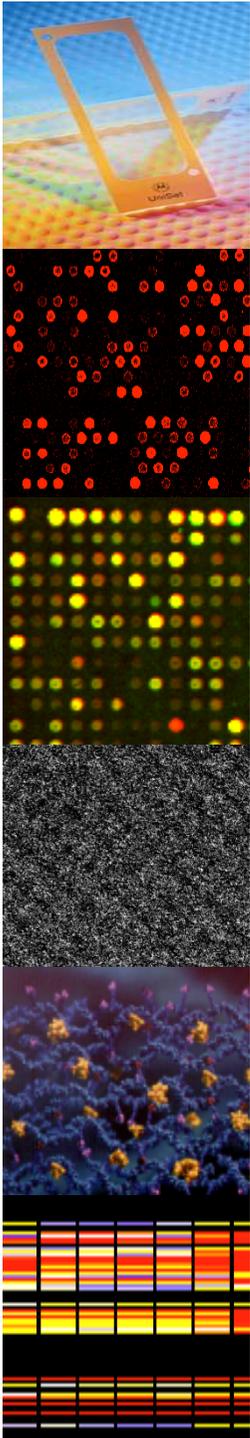


**Target validation  
3%**



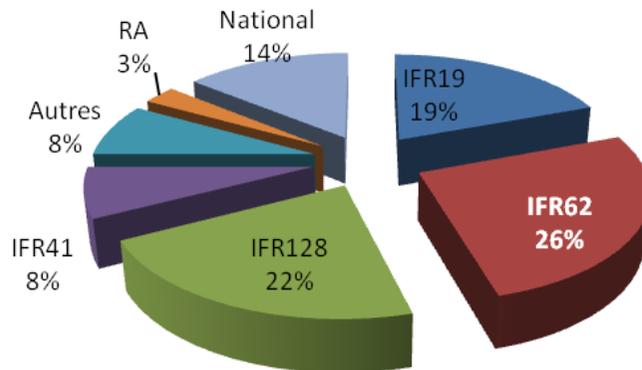
**Répartition/prestations  
(2003-2009)**





# Ouverture

**Ouverture  
(prestations 2003-2009)**



## ❑ RÉGION RHÔNE ALPES :

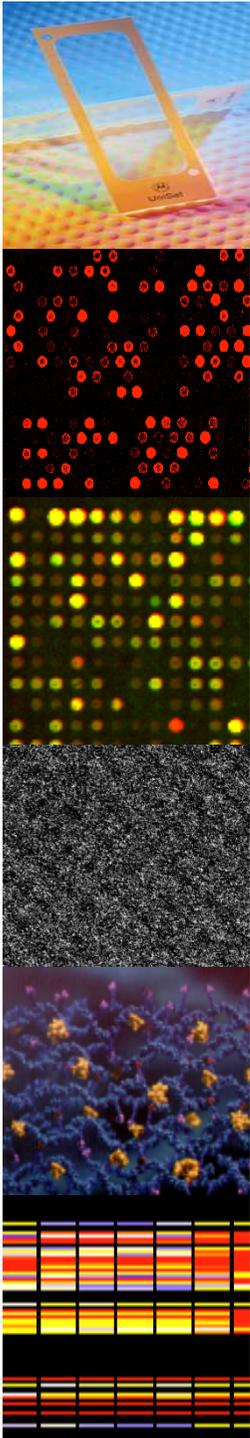
UMR CNRS: 5020, 5167, 5012, 5238, 5537, 5161, 5239, FRE2692, 516, 5242, 5239, 5123, 5240, 5534, FRE 3011, 5086, ERI22, 5557, 5125/ UMR INSERM 4166, 842, 846, 879, 628, 590, 664, 855, 870, 758, 551, / UMR INRA 754, 1235, 851, 886, : UMR CNRS 5163, INSERM 873, 873, 836...  
CIRC, EFS, Genzyme, Sanofi-Pasteur, CRESSA...

## ❑ NATIONAL :

UMR CNRS 5175, 7091, FRE2944, 2210 (CEA), 5095, 5547, 5203, 7622, UMR INSERM 508, 911, 498, 710, JE 2448, 1088, 583, INRA 1219, 866, 845, 938...  
Lesaffre, Gensodi...

## ❑ APPARTENANCE :

- PHRC national des tumeurs hypophysaires,
- l'intergroupe francophone du myélome,
- Programme National d'Excellence Scientifique de l'INCA sur le cancer du poumon,
- Réseau Ibisa



# Activités de R&D

## □ DÉVELOPPEMENTS D'OUTILS ET DE PROTOCOLES :

- Micro et Nanogénomique / Nugen
- Systèmes panviraux / Lyon Science Tranfert
- Systèmes de capture de séquences candidates / Centre Recherche Cancer Lyon

## □ MÉCANISMES GÉNIQUES ET RECHERCHE DE MARQUEURS :

- Génomique intégrative : HypoPronos, identification de marqueurs pronostiques de tumeurs hypophysaires (U842) 
- Caractérisation moléculaires de glioblastomes (IARC)
- Progression tumorale et Cancer du sein (U590),
- Mécanismes épigénétiques de la Leucémie T viroinduite HTLV-1 (UMR5239, ENS)
- Identification de marqueurs circulants dans le cancer du sein (LCMT, bioMérieux)
- Polymorphismes corrélés avec la neurotoxicité du bortezomibe de patients atteints du myélome multiple (LCMT)
- Pharmacogenoscan, Identification de marqueurs prédictifs et pronostiques de patient en chimiothérapie, atteints de cancer du poumon (U823/LCMT)

# Génomique Intégrative Pourquoi ?

## ❑ CANCÉROLOGIE

## ❑ EVÈNEMENTS IAIES ENCORE INCOMPRIS :

- Altérations génétiques : mutations, perte d'hétérozygotie, réarrangements chromosomiques, variations du nombre de copies

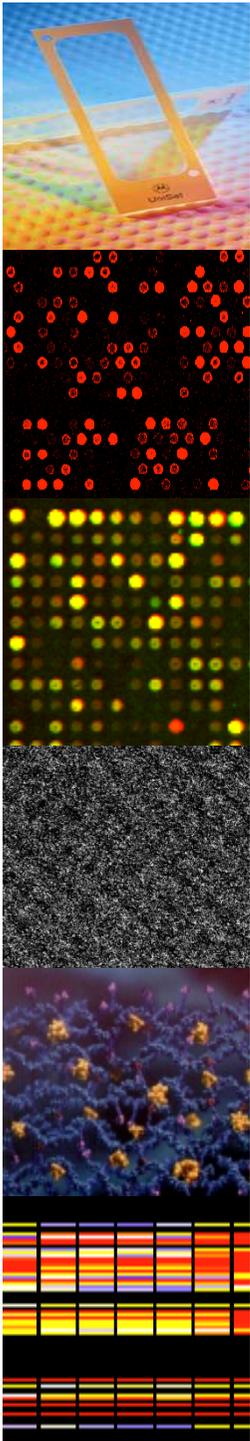
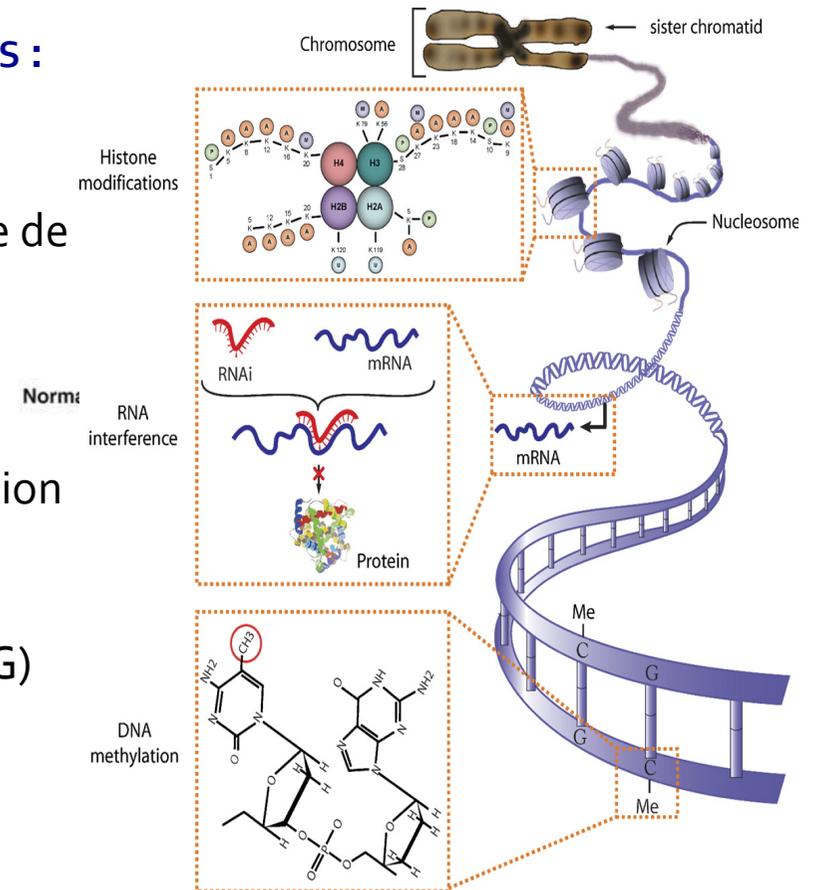
⇒ Génome

- Altérations épigénétiques : modification des histones, remodelage des nucléosomes, RNA interférence (mi, siRNA), méthylation des cytosines (CpG)

⇒ Epigénome

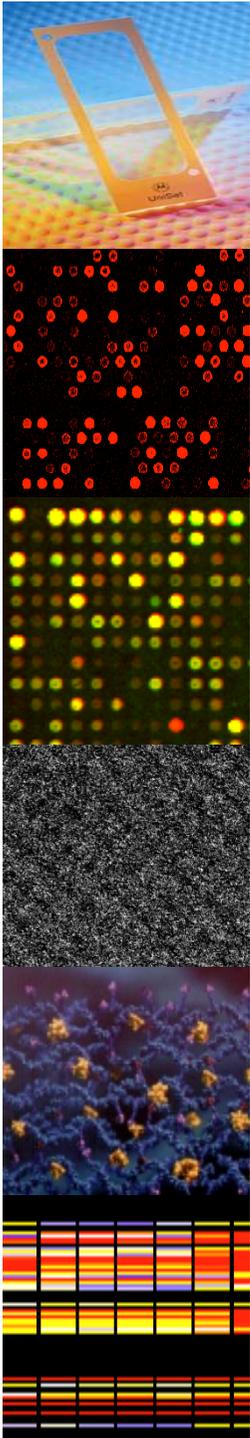
- Dérégulation d'expression

⇒ Transcriptome :



# Les tumeurs hypophysaires

- ❑ Tumeurs crâniennes les plus fréquentes
- ❑ Différents types : somatotropes, corticotropes, non fonctionnelles, prolactinomes
- ❑ Différents phénotypes : bénignes, invasives et agressives (métastasiques)
- ❑ Etiologie et mécanismes à l'origine de la progression tumorale sont **inconnus**.
- ❑ Objectifs :
  - Caractériser les mécanismes moléculaires impliqués dans la progression tumorale
  - Rechercher les événements initiateurs
  - Identifier des marqueurs de diagnostic



# Méthodologie

## EXPRESSION GÉNIQUE

## EPIGÉNÉTIQUE

## GÉNOTYPAGE

Activité  
Transcriptionnelle  
globale

Régulation  
d'expression

Structure du  
génom

RNA

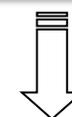
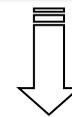
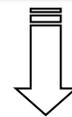
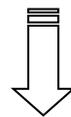
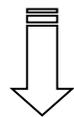
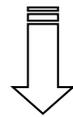
ncRNA

ADNg

mRNA - variants - nx  
RNA RNA

miR - méthylation

SNP - CGH  
CNV-LOH



Puces  
expression

Puces  
exons

Puces  
tiling

Puces  
miR

Puces  
promoteur

Puces  
SNP

Puces  
CGH

Affymetrix	+	+	+	+	+	+	+
Agilent	+	+	-	+	+	+	+
Codelink	+	-	-	-	-	-	-
Nimblegen	+	-	-	-	+	-	+

+

+

+

+

+

+

+

+

-

+

+

+

+

+

-

-

-

-

-

-

+

-

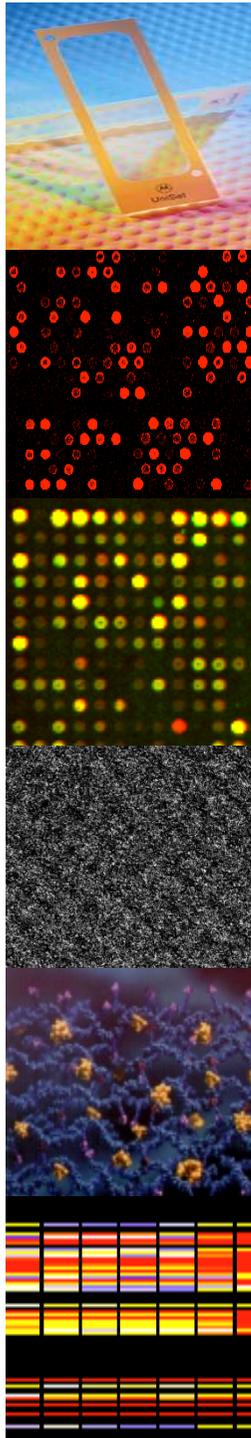
-

-

+

-

+



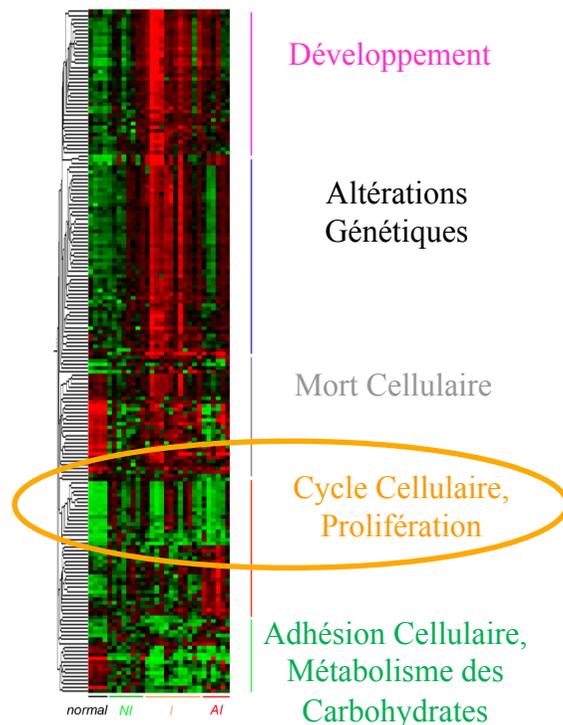
# Analyse du transcriptome

Wierinckx et al., 2007. *Endocrine-Related Cancer* 14:887-900

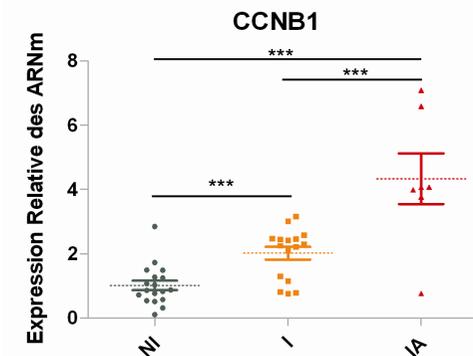
Wierinckx et al., 2010, *J. Clin Endocrinol Metab*, 95:1708-1716

- 94 patients : 61 non-invasives, 22 invasives dont 11 agressives
- Amplification des ARN par IVT, hybridation sur **Puces expression Codelink** humaines (57 000 transcrits), validation par qRT-PCR (Ligh Cycler Roche)
- Gènes différentiellement exprimés : set de 9 gènes impliqués dans l'invasion et la prolifération

## Analyse Supervisée



## Validation Externe des (RT-PCR Quantitative)

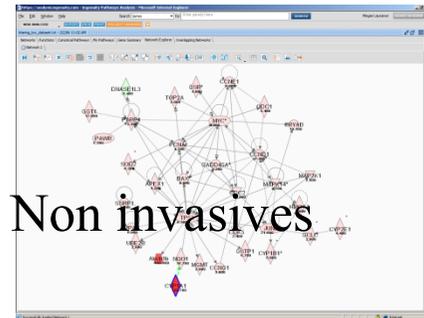


➔ Set de sondes (9 gènes)  
Valeur **Diagnostique** et  
**Pronostique** de la récurrence  
**Brevet n°07 66533**

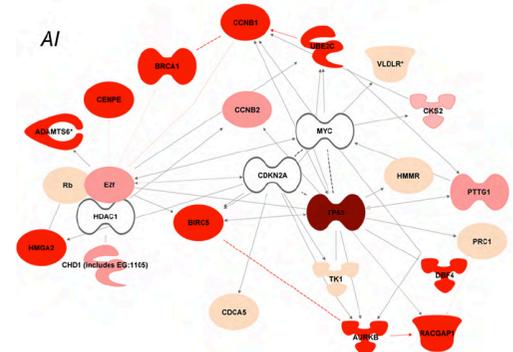
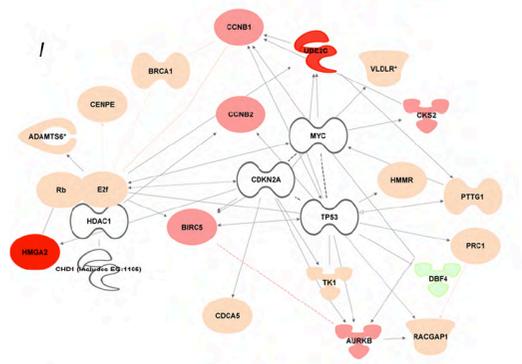
# Voies de signalisation

Wierinckx et al., 2010, Mol and Cell Endocrinology

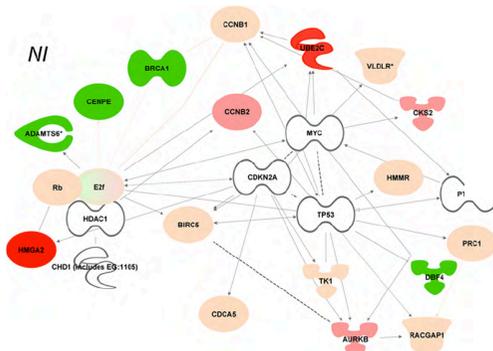
Invasives-agressives



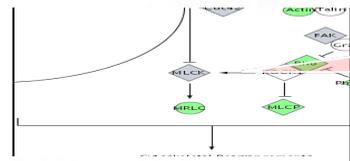
invasives  
Networks



most relevant to my genes

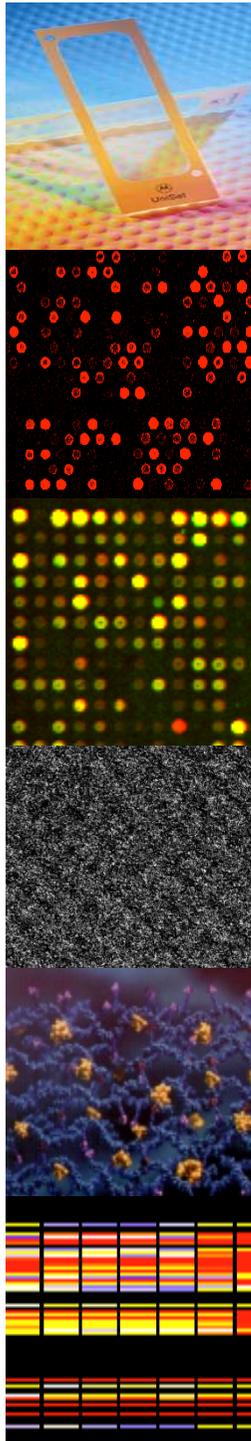


Canonical Pathways



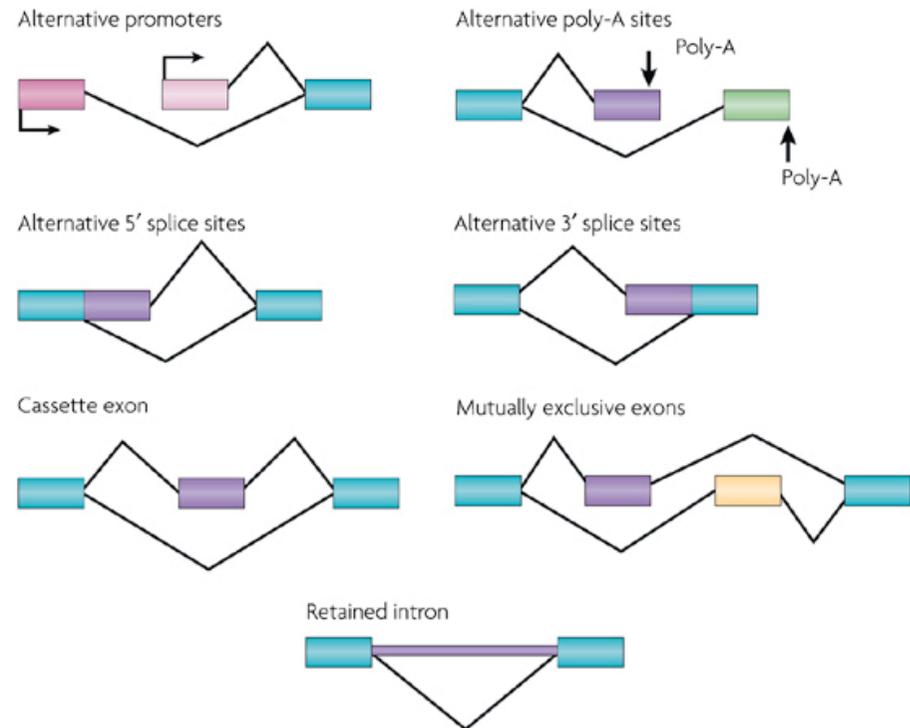
Which well-characterized cell signaling and metabolic pathways are most relevant to my experimental data?

- Enzyme
- Transporter
- Group/Complex/Other
- Unknown
- Kinase
- Peptidase
- Transcription Regulator
- Indirect relationship
- Direct relationship
- down-regulated vs NP
- up-regulated vs NP



# Variants d'épissage

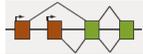
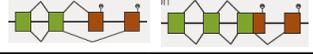
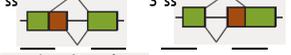
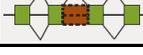
- Concernent un grand nombre de gènes
- Décrits impliqués dans de nombreux mécanismes dont la progression tumorale
- Mécanismes :
  - Promoteurs alternatifs
  - Terminaisons alternatives
  - Epissages alternatifs
  - Rétentions d'introns, exclusivités d'exons



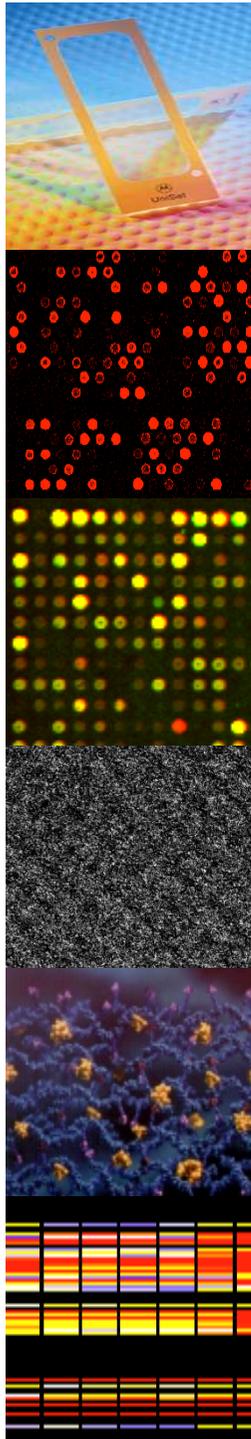
# Analyse des variants

Wierinckx et al., 2011, en préparation

- ❑ 25 prolactinomes humains (11 non-invasives, 14 invasives dont 6 agressives)
- ❑ Amplification des ARN par IVT/sondes random, marquage streptavidine-Phycoerythrine, hybridation sur **Puces exon Affymetrix** humaines (250 000 exons), validation par RT-PCR (Roche)
- ❑ 236 variants : 20% initiation différente, 9,4% terminaison différente, 30% variants d'épissage

Alternative Splicing Events		# Events	% Events	# Known events <sup>1</sup>	% Known events <sup>1</sup>	
Alternative first exon / alternative promoter		52	20.4%	24	35.8%	
Alternative last exon / alternative polyadenylation		24	9.4%	9	13.4%	
Alternatively Spliced Exons (ASE)	Cassette exon	50	19.6%	19	28.4%	
	Alternative 3'/5' splicing site	25	9.8%	10	14.9%	
	Intron retention	2	0.8%	1	1.5%	
Other	Complex / ambiguous	33	12.9%	4	6.0%	
	No variation	69	27.1%	0	0.0%	
<b>Total</b>		<b>255</b>	<b>100.0%</b>	<b>67</b>	<b>100.0%</b>	

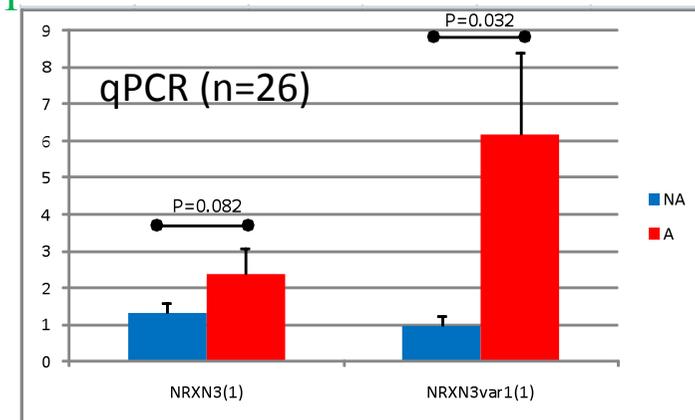
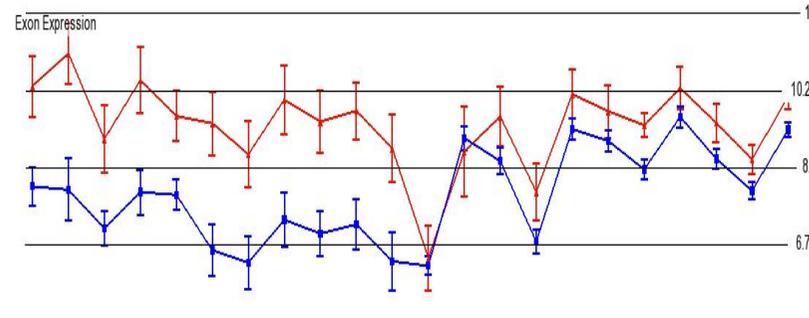
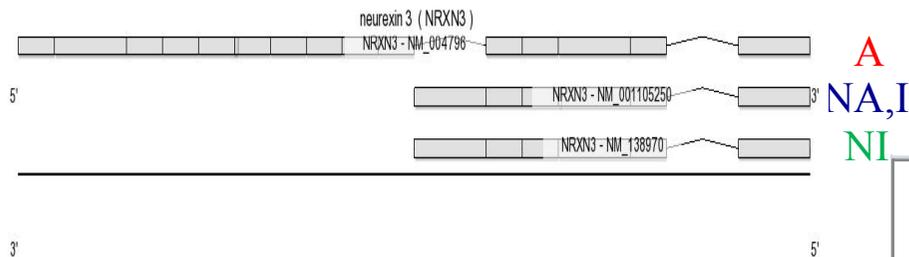
236 genes showing alternative splicing<sup>2</sup>



# Analyse des variants

Wierinckx et al., 2011, en préparation

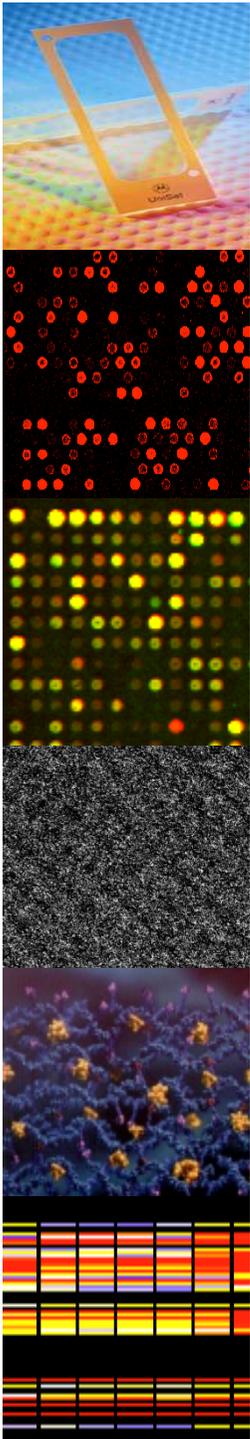
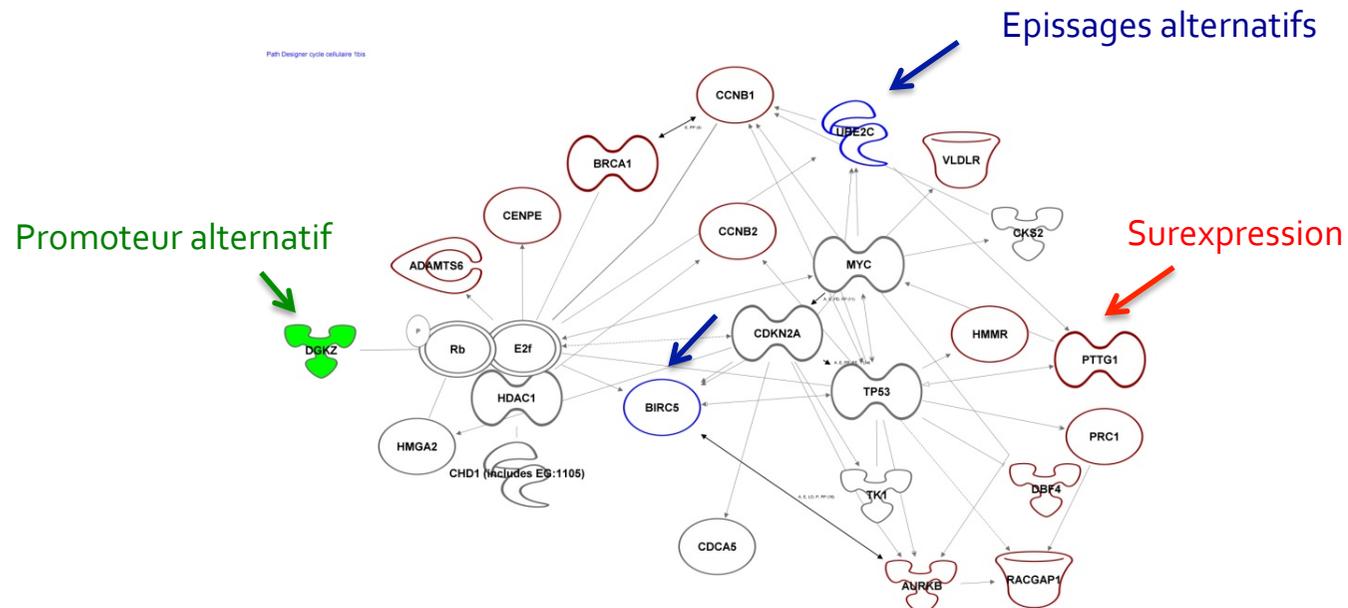
- ❑ 25 prolactinomes humains (11 non-invasives, 14 invasives dont 6 agressives)
  - ❑ Amplification des ARN par IVT/sondes random, marquage streptavidine-Phycoerythrine, hybridation sur Pucés exon Affymetrix humaines (250 000 exons), validation par RT-PCR (Roche)
- ➔ Nouveaux marqueurs. Ex. Neurexine 3 (NRXN3).



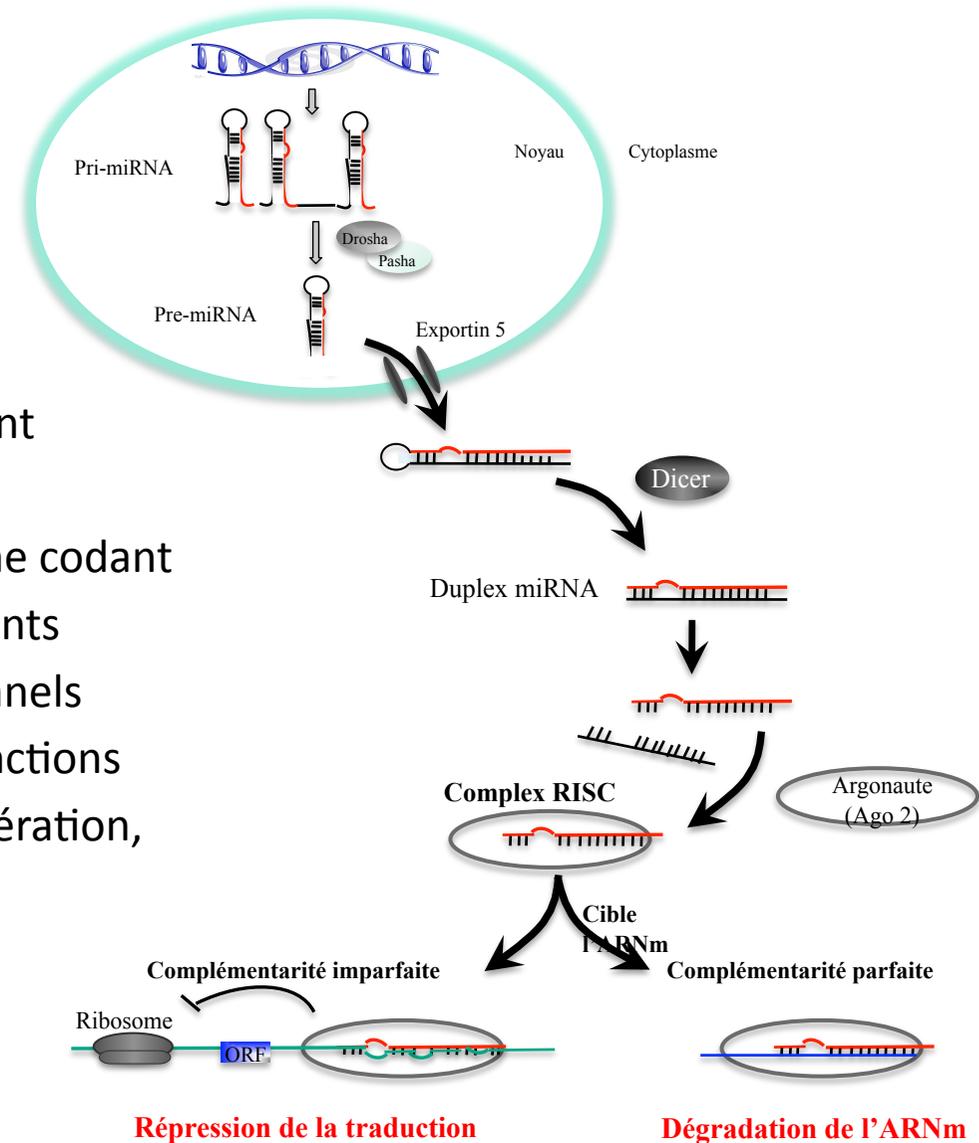
# Analyse des variants

Wierinckx et al., 2011, en préparation

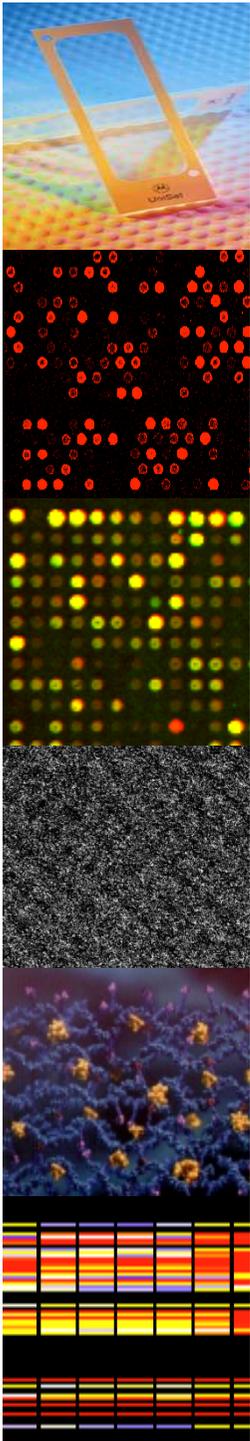
- 25 prolactinomes humains (11 non-invasives, 14 invasives dont 6 agressives)
- Amplification des ARN par IVT/sondes random, marquage streptavidine-Phycoerythrine, hybridation sur Puces exon Affymetrix humaines (250 000 exons), validation par RT-PCR (Roche)
- ➡ Nouveaux marqueurs. Ex. Neurexine 3 (NRXN3)
- ➡ Meilleure dissection des voies géniques.



# MiRNA

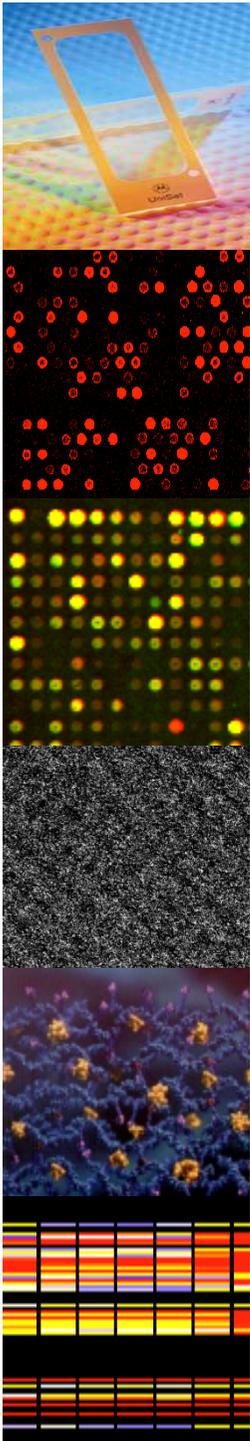


- ARNs non codants de 18 – 22 nt
- Très conservés entre espèces
- Représentent 1-2 % du génome codant
- Régulent 30 % des gènes codants
- Régulateurs post-transcriptionnels
- Impliqués dans différentes fonctions (différenciation cellulaire, prolifération, apoptose, oncogénèse)

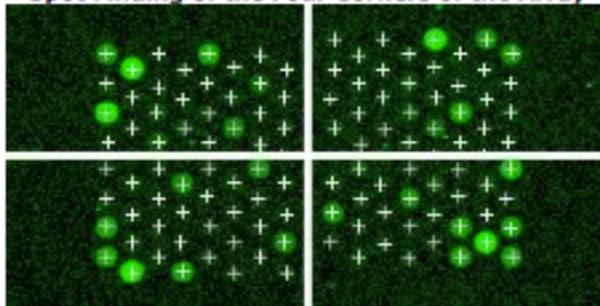


# Analyse Epigénétique/miR

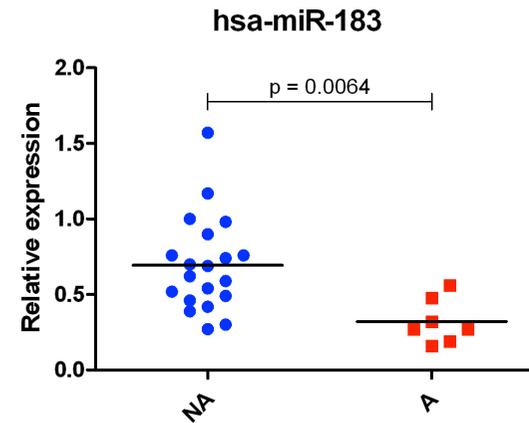
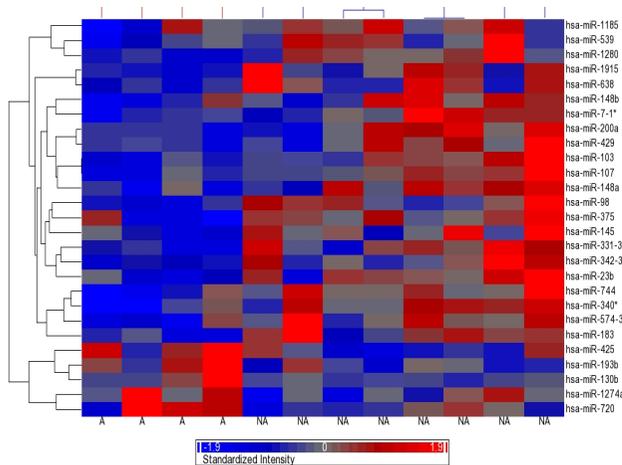
- ❑ 25 prolactinomes humains (11 non-invasives, 14 invasives dont 6 agressives)
  - ❑ Marquage Cy3 terminal, hybridation sur **Puces miR Agilent humaines** (# 700 miR), validation par qRT-PCR (TLDA)
  - ❑ 17 miRNA dérégulés (FC > 2) entre agressives et non agressives
- ➔ Nouveaux marqueurs : ex. miR-183



Spot Finding of the Four Corners of the Array



Grid Normal



# Analyse Epigénétique/miR

- ❑ 25 prolactinomes humains (11 non-invasives, 14 invasives dont 6 agressives)
- ❑ Marquage Cy3 terminal, hybridation sur Puces miR Agilent humaines (# 700 miR), validation par qRT-PCR (TLDA)
- ❑ 17 miRNA dérégulés (CF > 2) entre agressive et non agressive
- ➡ Nouveaux marqueurs : ex. miR-183
- ➡ Meilleure dissection des voies géniques

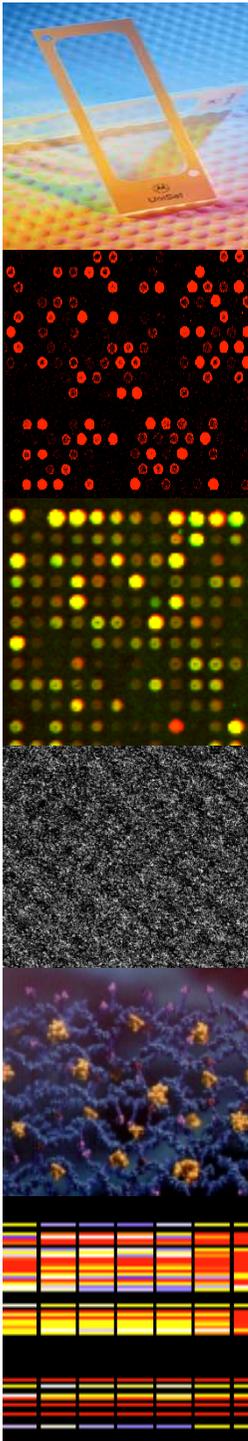
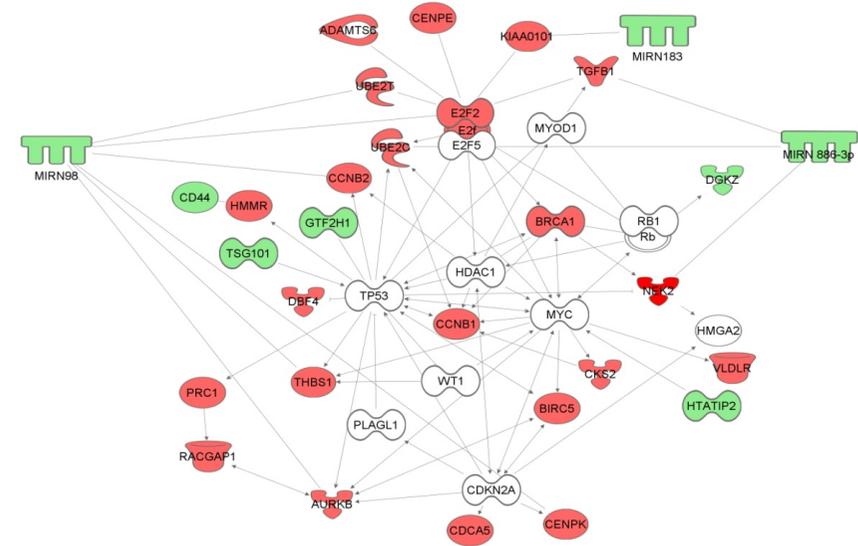
Recherche des cibles cellulaires in silico (Target Scan).

A  
NA

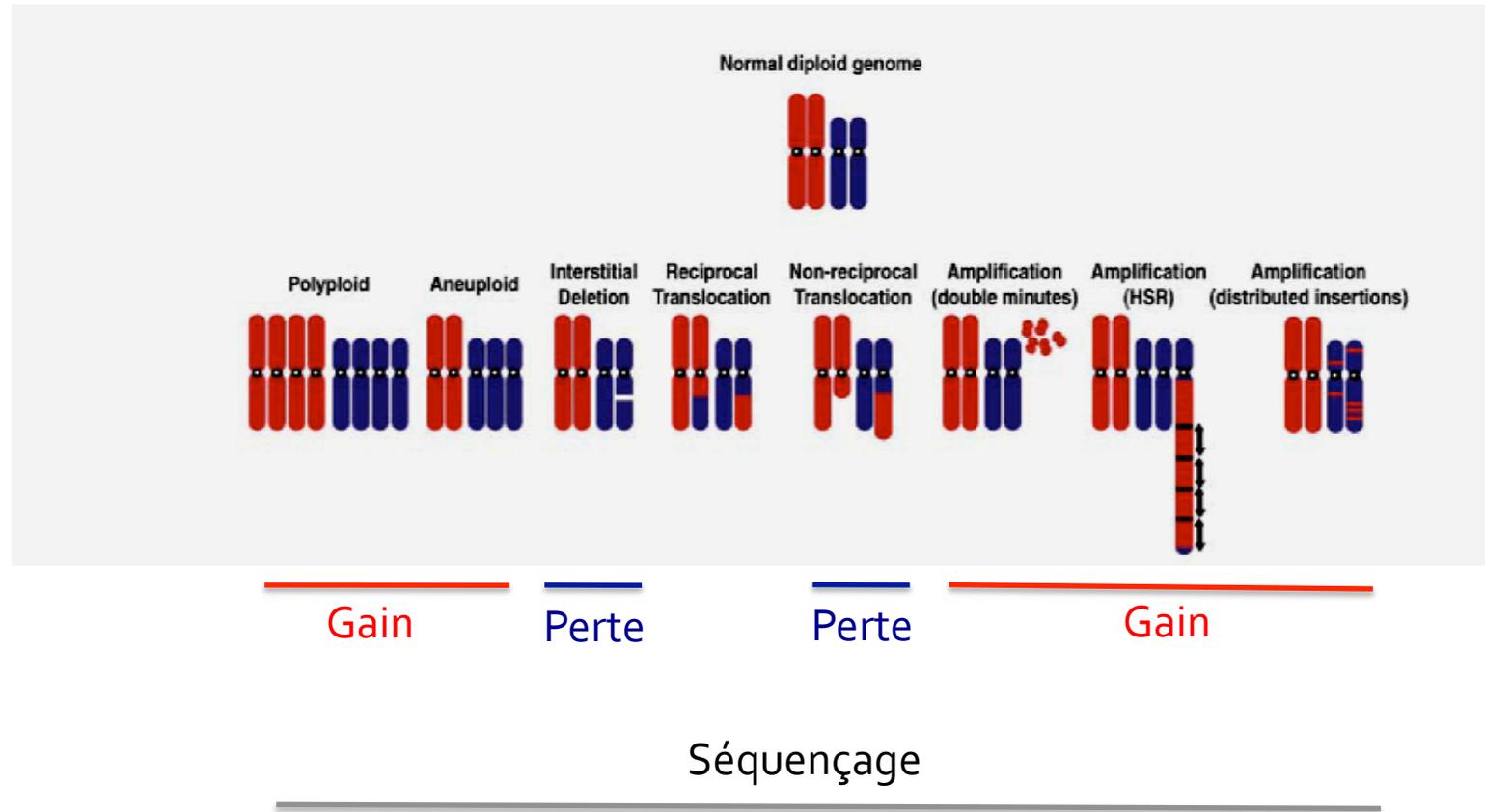
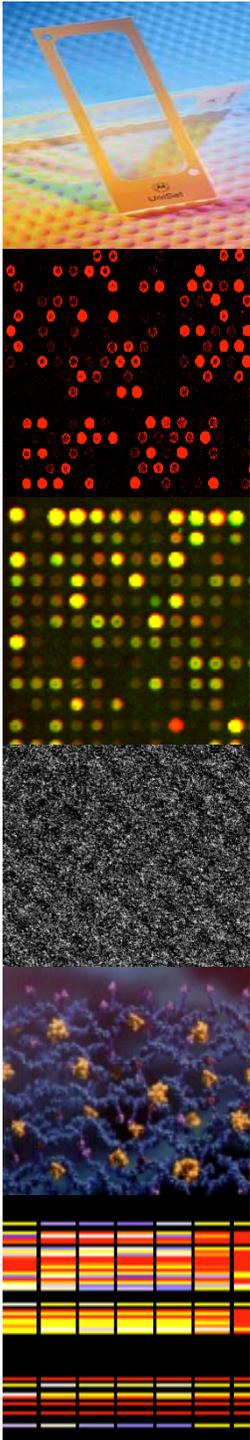
Sample ID	hsa-miR-183	KIAA0101
HH1430	0.28	5.75
HH2376	0.07	3.68
HH1539	0.06	5.24
HH1599	0.22	5.81
HH1512	2.98	0.22
HH1615	2.59	0.13
HH1782	2.90	0.28
HH2171	2.93	0.29
HH2348	1.92	0.52
HH2683	1.02	0.28
HH2806	2.51	0.58
FC (A vs NA)	-15.38	15.48
pvalue	1.77E-04	3.89E-07
Coef corrélation		-0.87

Sample ID	hsa-miR-886-3p	NEB2	UBE2C	TGFB1
HH1430	0.37	1.747	6.12	3.08
HH2376	0.08	3.080	8.89	5.63
HH1539	0.11	10.160	7.66	1.87
HH1599	0.35	8.091	16.31	3.86

Sample ID	hsa-miR-98	CENPK	CCNB2	AURKB	E2F2	UBE2T	THBS1
HH 1430	0.59	6.32	3.14	1.95	2.10	5.46	2.18
HH 1539	0.51	6.48	2.52	3.51	2.86	1.80	5.80
HH 1599	0.74	5.30	3.30	3.61	5.66	10.12	5.18
HH 2376	0.91	4.29	2.56	2.83	2.64	3.29	1.87



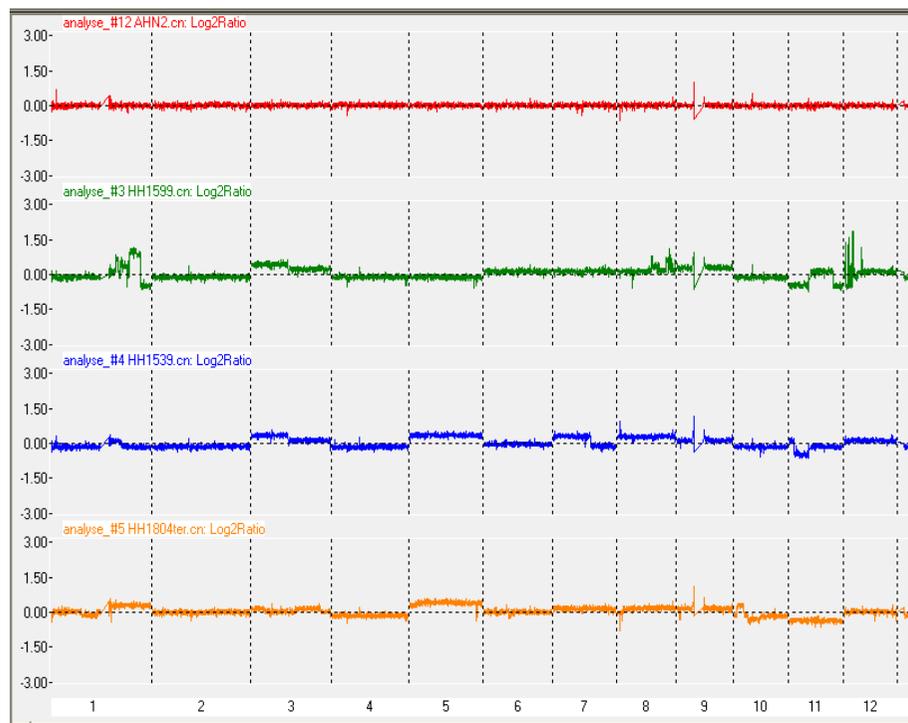
# Altérations du génome



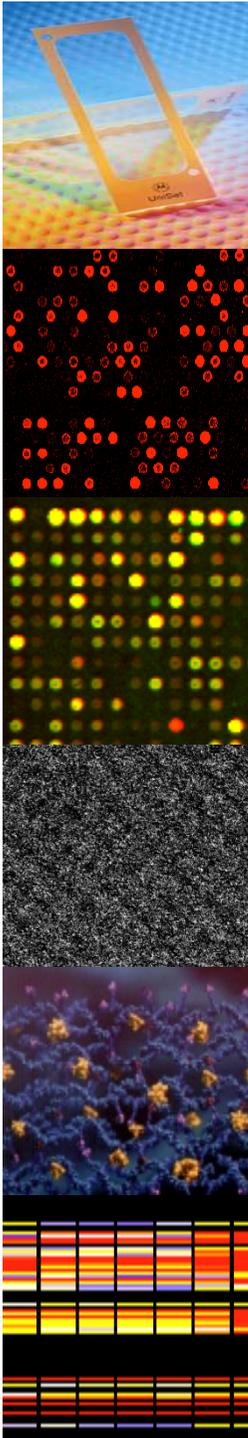
# Analyse du génome

Wierinckx et al., 2011, Brain Pathol. Jan19

- ❑ 13 prolactinomes humains (11 non-invasives, 14 invasives dont 6 agressives)
- ❑ Amplification ADNg par addition d'adaptateurs/PCR, hybridation sur **Puces Affymetrix 6.0** (906 600 SNP et 946 000 CNV)
- ❑ Analyse des gains et des pertes



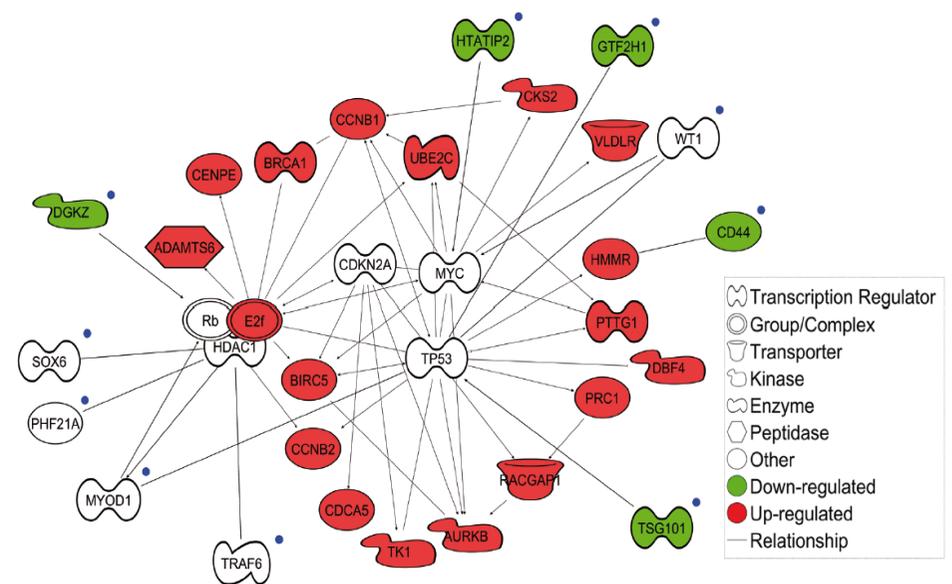
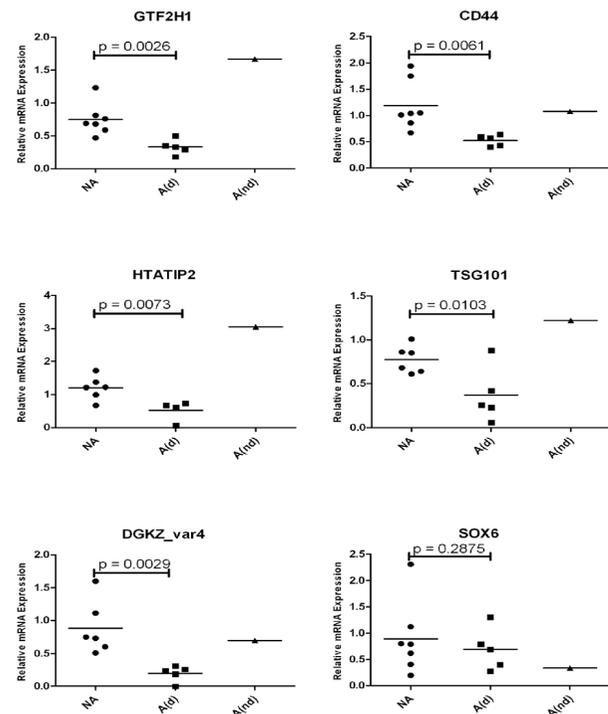
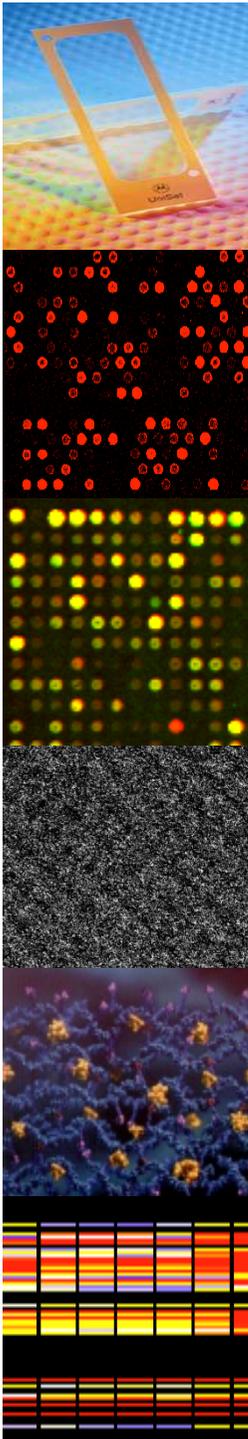
Post operative events	Chromosome gains	Chromosome losses
recurrence, death	3p, 5, 8, 14q, 19p	11p
recurrence	4q	1p, 11p
recurrences, metastasis, death	1q, 3p, 8q, 9, 14q, 19p	1q, 11
recurrences, metastasis, death	1q, 5, 15q, 19q	11, 17p
recurrences, metastasis	1q, 8q	1, 4, 11, 13q, 15q
recurrence	---	---
persistence	Y	---
persistence	---	15q, 2p
remission	7, 9	---
remission	3, 5p, 7, 9	15q
remission	8, Y	---
remission	9	---
remission	7p, 20	13q

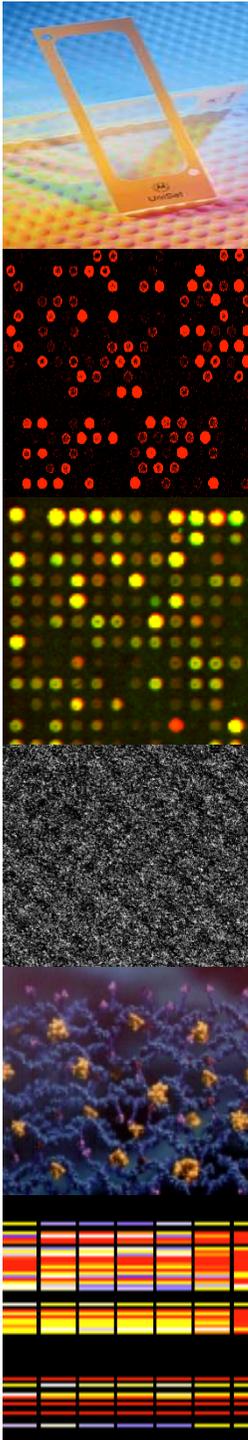


# Analyse du génome

Wierinckx et al., 2011, Brain Pathol. Jan19

- ❑ 13 prolactinomes humains (11 non-invasives, 14 invasives dont 6 agressives)
- ❑ Amplification ADNg par addition d'adaptateurs/PCR, hybridation sur Puces Affymetrix 6.0 (906 600 SNP et 946 000 CNV)
- ❑ Analyse des gains et des pertes
- ❑ Validation PCR-RT-PCR





Contents lists available at ScienceDirect

## Molecular and Cellular Endocrinology

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/mce](http://www.elsevier.com/locate/mce)



Review

### Proliferation markers of human pituitary tumors: Contribution of a genome-wide transcriptome approach

Anne Wierinckx<sup>a,b,c</sup>, Gérald Raverot<sup>a,d</sup>, Nicolas Nazaret<sup>c</sup>, Emmanuel Jouanneau<sup>a,e</sup>, Carole Auger<sup>a</sup>, Joël Lachuer<sup>a,b,c,1</sup>, Jacqueline Trouillas<sup>a,f,\*,1</sup>

### A diagnostic marker set for invasion, proliferation, and aggressiveness of prolactin pituitary tumors

Anne Wierinckx<sup>1,3,4</sup>, Carole Auger<sup>1,2</sup>, Pauline Devauchelle<sup>1</sup>, Arlette Reynaud<sup>3</sup>, Pascale Chevallier<sup>1,2</sup>, Michel Jan<sup>5</sup>, Gilles Perrin<sup>3</sup>, Michelle Fèvre-Montange<sup>1</sup>, Catherine Rey<sup>4</sup>, Dominique Figarella-Branger<sup>6</sup>, Gérald Raverot<sup>1,3</sup>, Marie-Françoise Belin<sup>1</sup>, Joël Lachuer<sup>1,2,4</sup> and Jacqueline Trouillas<sup>1,2,3</sup>

# JCEM

THE JOURNAL  
OF CLINICAL  
ENDOCRINOLOGY  
& METABOLISM

### Prognostic Factors in Prolactin Pituitary Tumors: Clinical, Histological, and Molecular Data from a Series of 94 Patients with a Long Postoperative Follow-Up

Gérald Raverot, Anne Wierinckx, Emmanuelle Dantony, Carole Auger, Guillaume Chapas, Laurent Villeneuve, Thierry Brue, Dominique Figarella-Branger, Pascal Roy, Emmanuel Jouanneau, Michel Jan, Joël Lachuer, Jacqueline Trouillas and the members of HYPOPRONOS

J. Clin. Endocrinol. Metab. 2010 95:1708-1716 originally published online Feb 17, 2010; , doi: 10.1210/jc.2009-1191

### Integrated genomic profiling identifies loss of chromosome 11p impacting transcriptomic activity in aggressive pituitary PRL tumours

Anne Wierinckx<sup>1,2</sup>, Magali Roche<sup>2,3</sup>, Gérald Raverot<sup>1,2,4</sup>, Catherine Legras-Lachuer<sup>2,5</sup>, Séverine Croze<sup>5</sup>, Nicolas Nazaret<sup>5</sup>, Catherine Rey<sup>5</sup>, Carole Auger<sup>1,2</sup>, Emmanuel Jouanneau<sup>1,6</sup>, Philippe Chanson<sup>7,8,9</sup>, Jacqueline Trouillas<sup>1,2,10</sup>, Joël Lachuer<sup>1,2,5,\*</sup>

DOI: 10.1111/j.1750-3639.2011.00476.x

© 2011 The Authors; Brain Pathology © 2011 International Society of Neuropathology

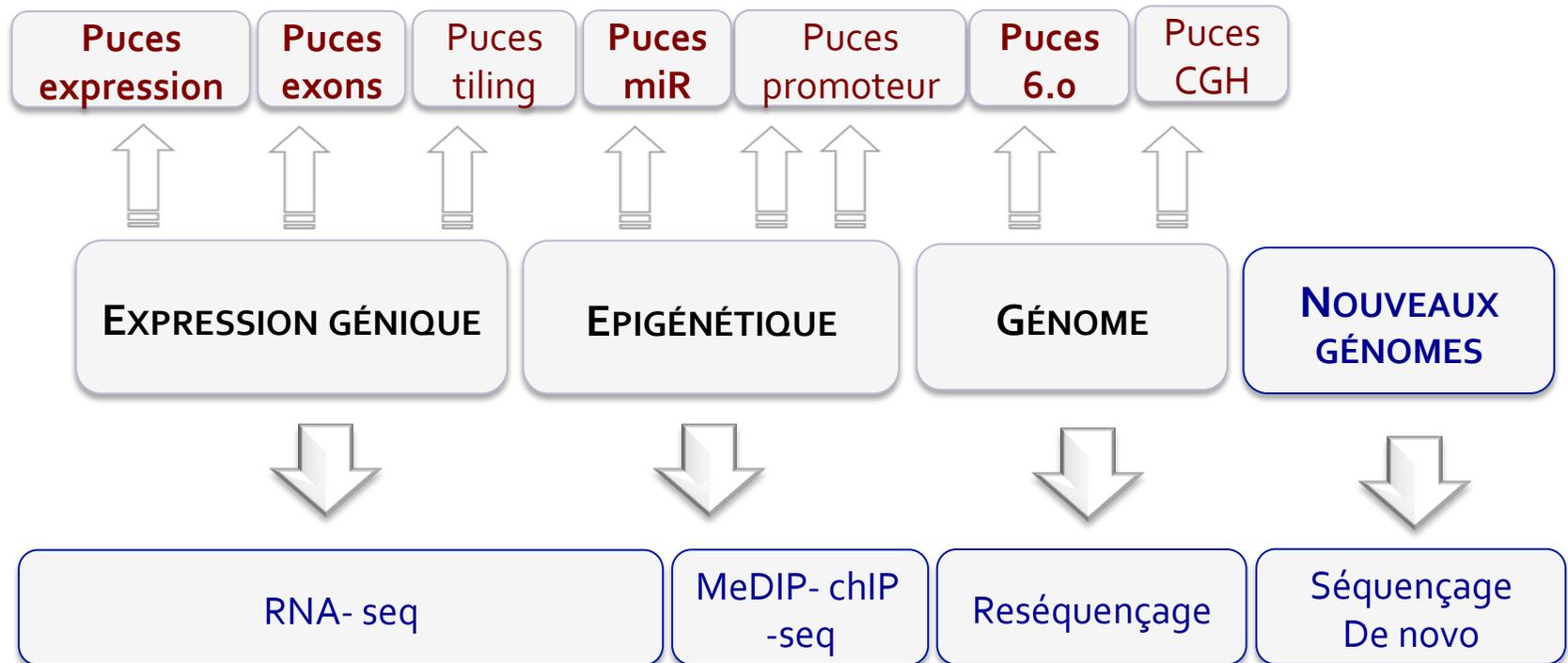
Issue



Brain Pathology

Accepted Article (Accepted, unedited articles published online for future issues)

# Séquençage NGS



➤ Information complète (mRNA, variants, nouveaux ARN)

➤ plus quantitative

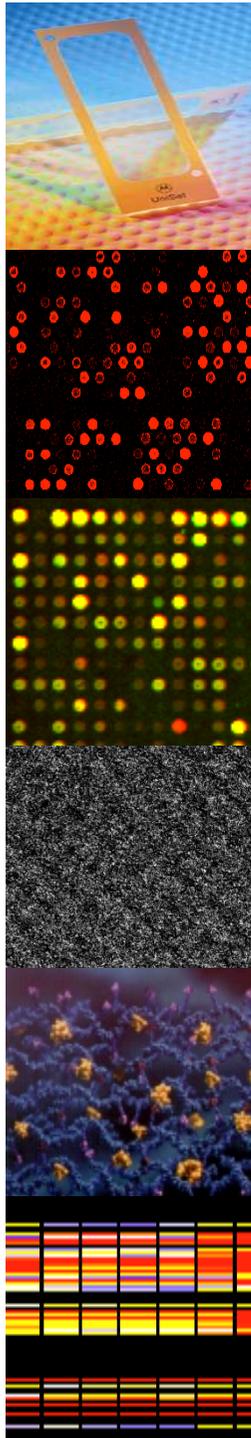
➤ Meilleure couverture

➤ Meilleure profondeur (événements rares)

➤ Information complète (gains, pertes, SNP, translocations)

➤ Meilleure profondeur (événements rares)

Pathogen  
discovery  
Metagenomics

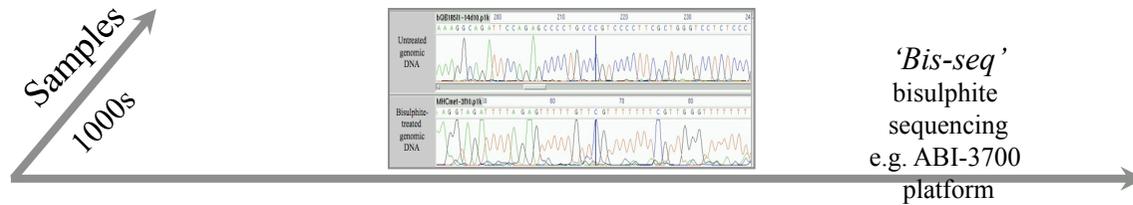


# Meilleure couverture

Genome

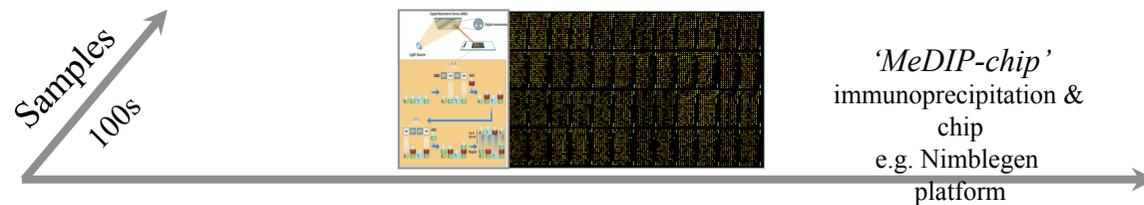


candidate approach



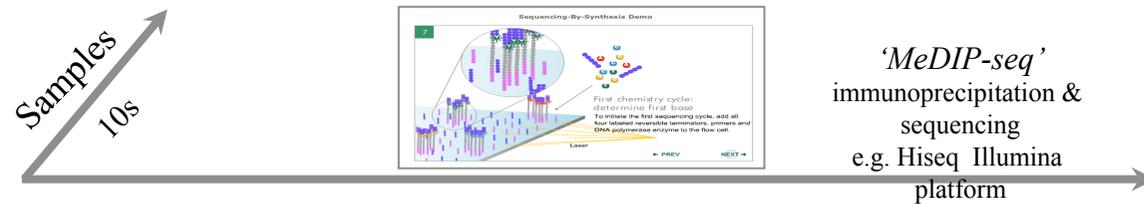
Coverage (0.1-1%)

genome-wide approach

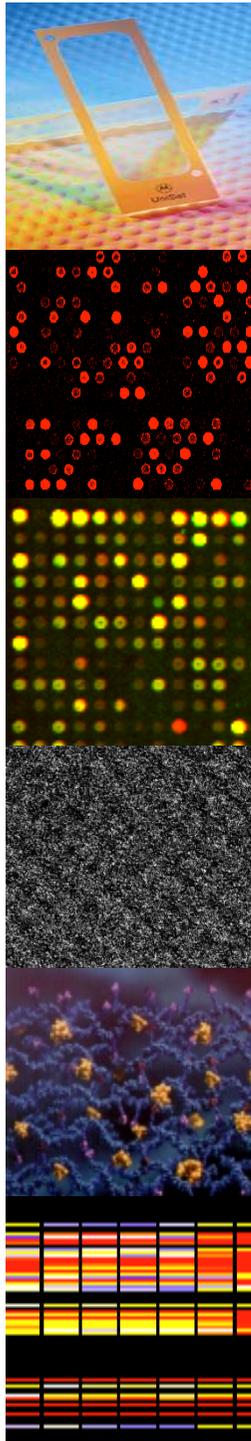


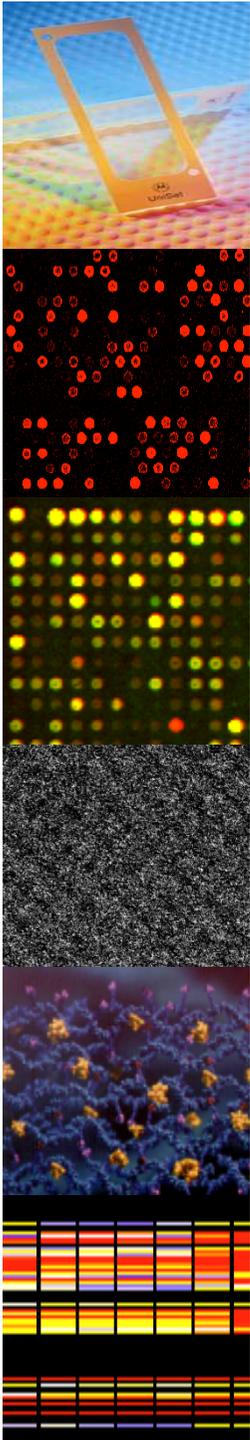
Coverage (1-10%)

whole-genome approach



Coverage (10-100%)





# Séquençage NGS à ProfileXpert

Ibisa, CLARA, Synergie Lyon Cancer, UCBL-1, F. Mérieux : 750 keuros  
Région Rhône-Alpes/Feder, « AAP PFT » 2010-2013 : 1,09 M euros

Hiseq 2000 (Illumina)



## Spécificités :

Séquençage par synthèse  
Lectures courtes : 2\*100b  
1 milliard de séq./run  
150-200 Gb (8 j. 2\*100pb)  
Multiplexage

GS FLX 454  
+ Junior (Roche)



## Spécificités :

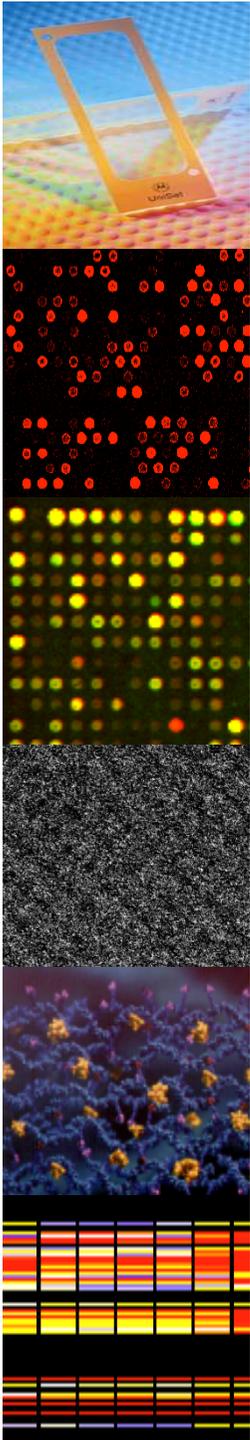
Pyroséquençage  
Lectures longues : 500b  
1.2 millions de séq./run  
Multiplexage

Cluster informatique (HP)



## Spécificités :

Stockage : 40 To  
Stockage possible de 10  
runs (10\*2 flow cells)  
Stockage sur bande  
Archivage IN2P3



# Séquençage NGS à ProfileXpert

Ibisa, CLARA, Synergie Lyon Cancer, UCBL-1, F. Mérieux : 750 k euros  
Région Rhône-Alpes/Feder, « AAP PFT » 2010-2013 : 1,09 M euros

Hiseq 2000 (Illumina)



GS FLX 454  
+ Junior (Roche)



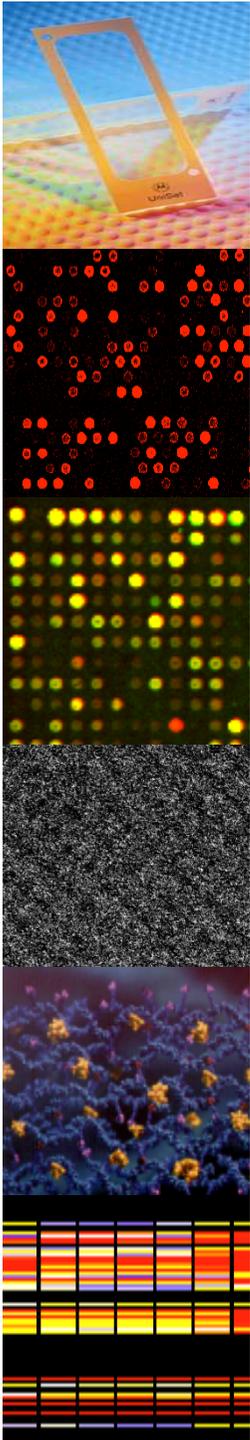
Cluster informatique (HP)



## Ressources humaines :

2 ingénieurs biologistes/3ans  
1 poste ingénieur biologistes UCBL-1

1 ingénieur bioinformaticien/3ans



# Pourquoi 2 séquenceurs?

## Hiseq 2000 Illumina



### Applications :

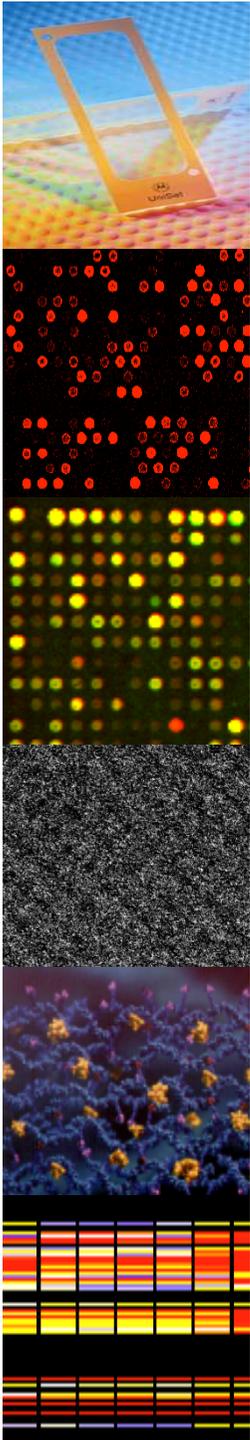
- Transcriptome avec génome de référence : RNAseq
- Re-séquençage
- Epigénome : CHIP-seq, MeDIP-seq :
- Petits ARN : miRNA, snRNA
  
- Métagénomique
- Séquençage *de novo*

## GS FLX 454 Roche



### Applications

- Séquençage *de novo*
- Reséquençage
- Métagénomique
- Transcriptome sans génome de référence : RNA-seq



# Prestations de séquençage

Hiseq 2000 : ouverture en juin 2011

## APPLICATIONS

RNA seq  
ChIP-seq, MeDIP-seq  
Re-séquençage  
Séquençage de novo  
(pathogen discovery)  
Métagénomique

## DOMAINES

Cancérologie  
Infectiologie (Pzi)  
Neurosciences  
Biodiversité

## PRESTATIONS

Prestations de service  
Prestations et de R&D

## OUVERTURE

Laboratoires académiques  
Laboratoires privés  
Régionale  
Nationale

# Remerciements

## **U842, CIRC**

J. Trouillas,  
H. Oghaki

Tumeurs du SNC

## **PRABI**

P. Roy, C. Gautier

Analyses  
statistiques

## **ProfileXpert- LCMT**

J. Lachuer

Analyses  
Génomiques

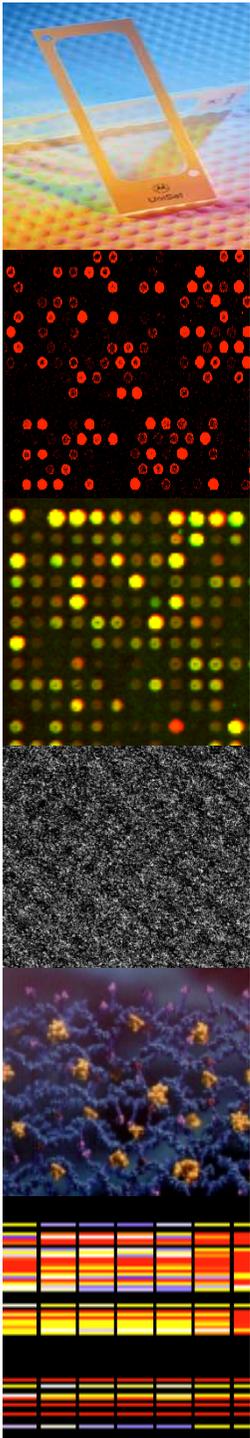
## **Centre Recherche Cancer Lyon**

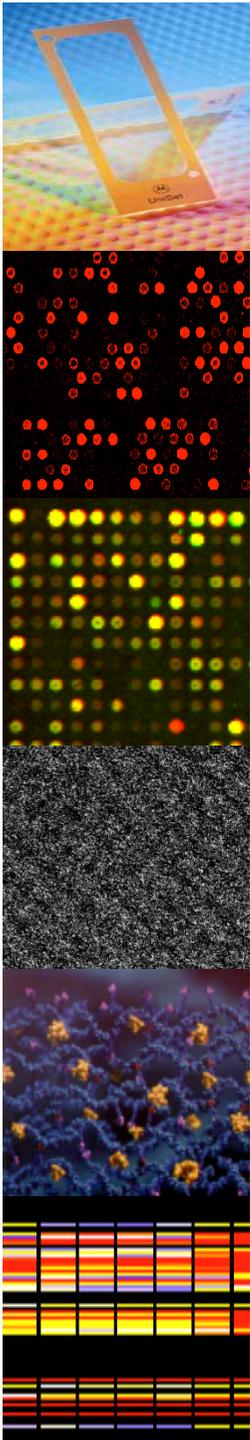
D. Auboeuf  
Variants

## **LBBE, LIP**

D. Mouchiroud  
E. Carron

Informatique





# Financements & supports

## FINANCEMENTS PLATEFORMES :

- Dotations IFR19
- Cohortes et collections du Ministère de la Recherche,
- HCL, Valorisation de leurs CRB
- Ministère délégué Recherche et Nouvelles Technologies ,
- Créalys ,
- Région Rhône-Alpes , Contrat d'appui d'aide au laboratoire,
- Financement du Grand Lyon : locaux et investissements
- Centre Léon Bérard
- UCBL1
- CLARA
- Lyon Synergie Cancer
- Fondation Mérieux
- Région Rhône-Alpes/Feder

## CONTRATS LIÉS À DES PROGRAMMES DE RECHERCHE :

- Programme de Recherche Thématique Prioritaire Région Rhône Alpes Cancer, U842.
- INCA CirBioCancer, U590
- PHRC National HypoPronos, U842.
- Contrat Novartis, U842.
- INCA , U518 INSERM,
- ANR/Lyon Sciences Transfert Diag sang , U842
- PHRC Pharmacogenoscan,
- Contribution de l'Intergroupe Francophone du Myélome
- Projet INCA de valorisation des ressources biologiques
- Projet INCA PAIR-Lymphome
- Ligue contre le cancer
- LST : systèmes de détection panviraux
- Sanofi-Pasteur