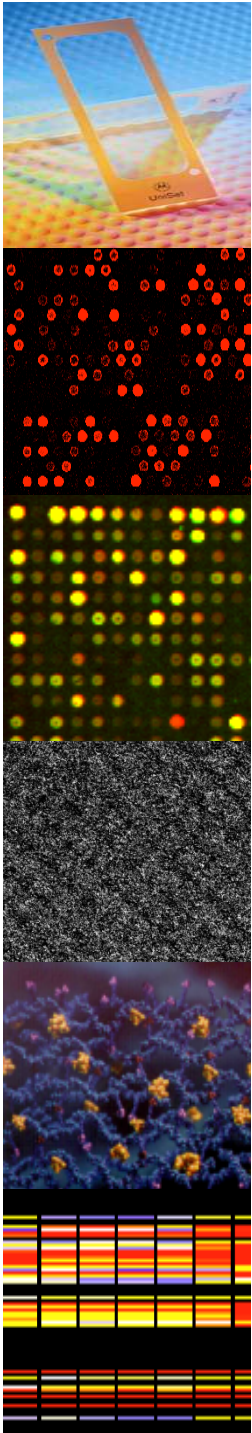


<http://www.profilexpert.fr>

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

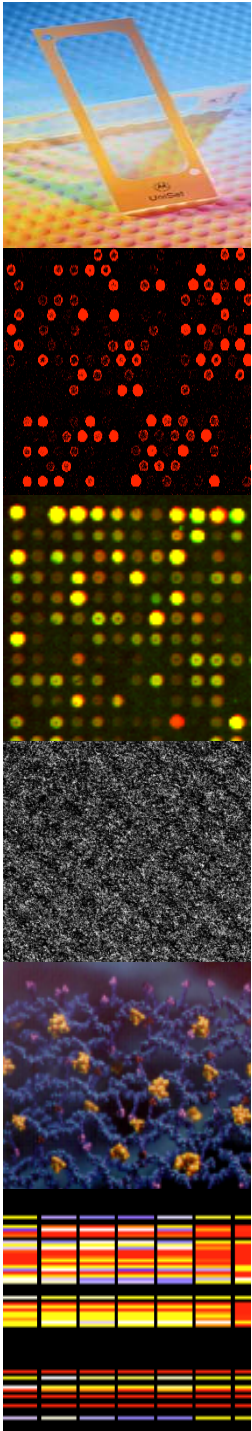
- Gouvernance UCBL1,
- Localisée sur le pôle Est et rattachée au SFR-Est,
- Direction : Dir. J. Lachuer – Co-Direction. C. Dumontet,
- Resp. scientifique : C. Legras-Lachuer



Inserm



Hôpitaux de Lyon



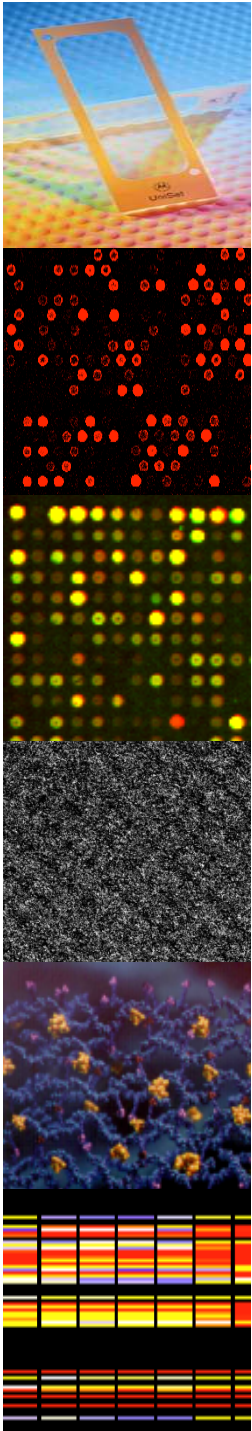
Missions / Activités

☐ 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

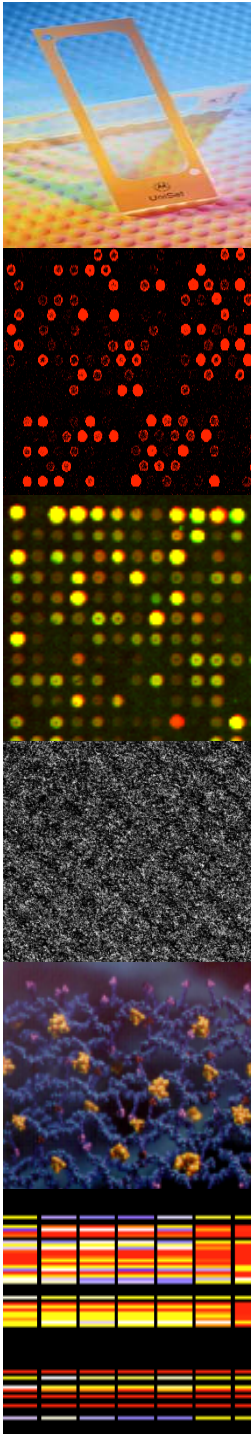
☐ RESSOURCES HUMAINES : Equipe de 15 personnes

- 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

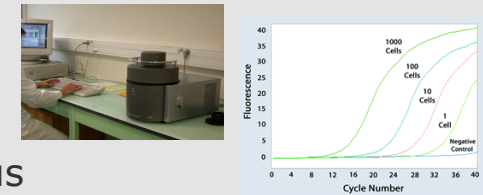


PREP. ECHANTILLONS

LCM : Microdissecteur Arcturus

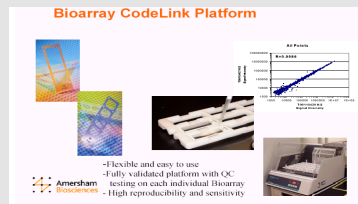
VALIDATION DONNÉES

qPCR : Light Cycler Roche
TLDA 7900 Applied



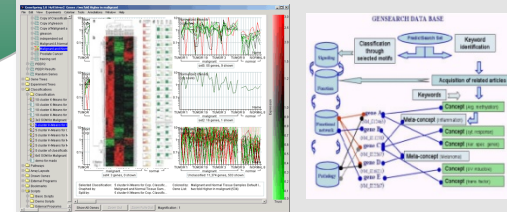
TRANSCRIPTOME/GÉNOME

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

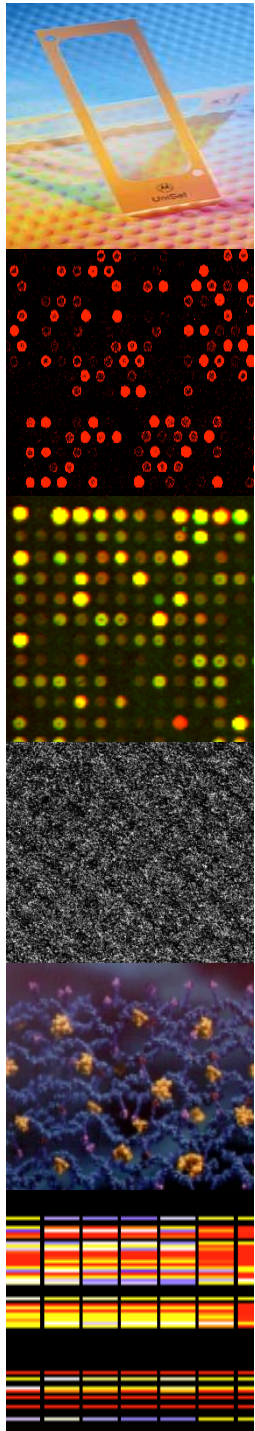


ANALYSES DONNÉES

Logiciels : GeneSpring, Pathway
Architect, Ingenuity, Array Exon

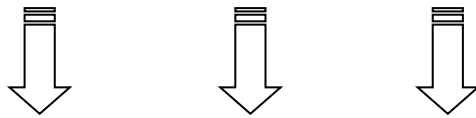


Pourquoi plusieurs technologies ?

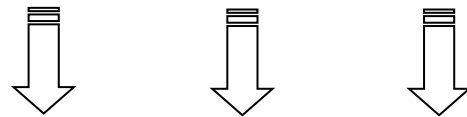


TRANSCRIPTOME

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

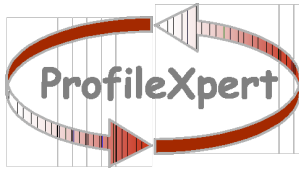
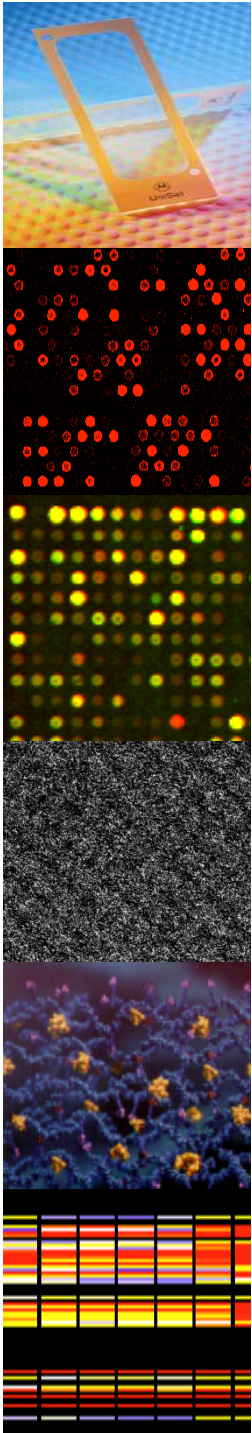


SNP CGH
 CNV-LOH



**Puces
SNP** **Puces
CGH**

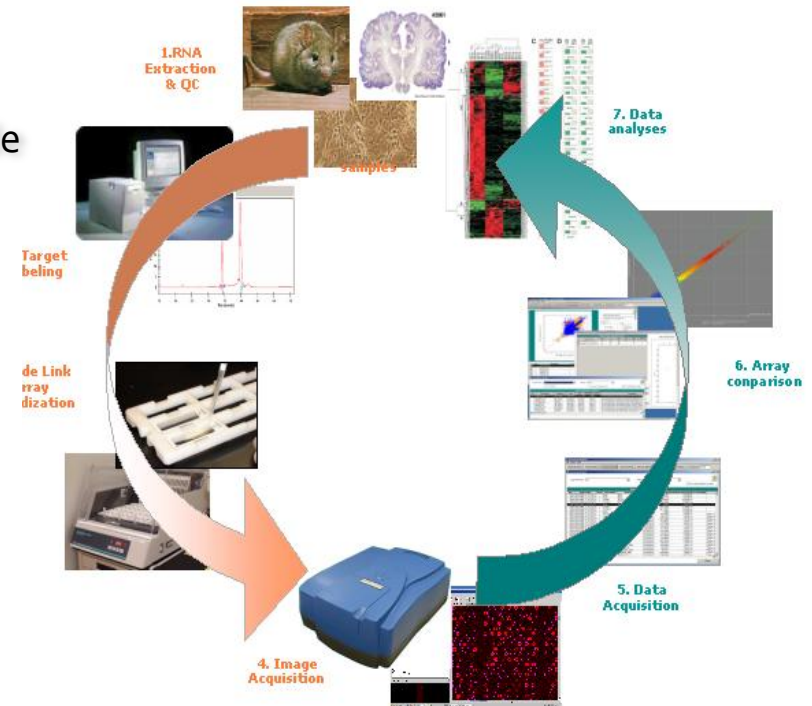
Affymetrix	+	+	+	+	+	+	+
Agilent	+	+	-	+	+	+	+
Codelink	+	-	-	-	-	-	-
Nimblegen	+	-	-	-	+	-	+

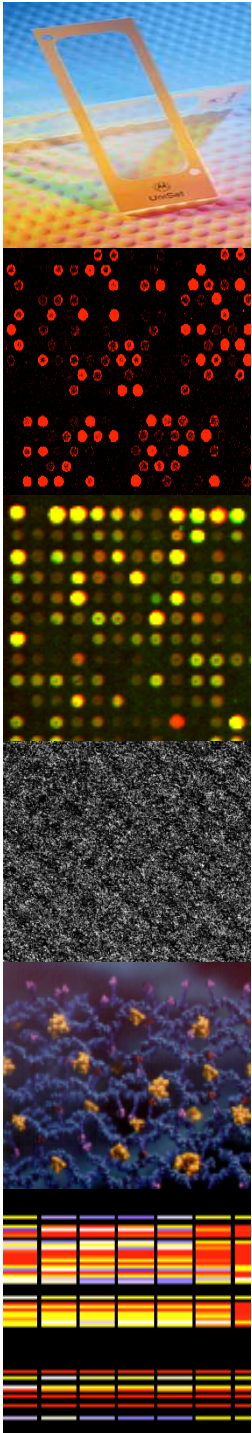


Prestations de Service et de R&D

Du traitement des échantillons à l'analyse des données

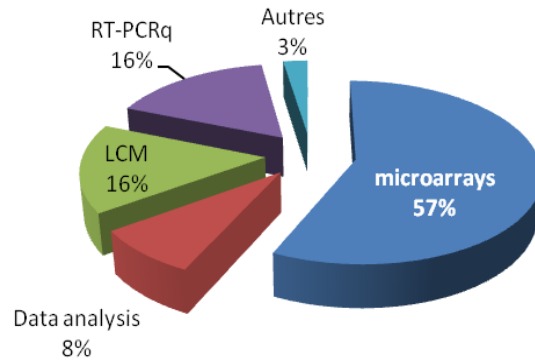
- Microdissection laser par LCM
- Etablissement de lignées lymphoïdes
- Purification d'acides nucléiques
- Profils transcriptome standards et à partir de microquantités
- Recherche de variants d'épissage
- Recherche de nouveaux transcrits
- Profils de petits ARN (mi RNA, snRNA...)
- Recherche de méthylation 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



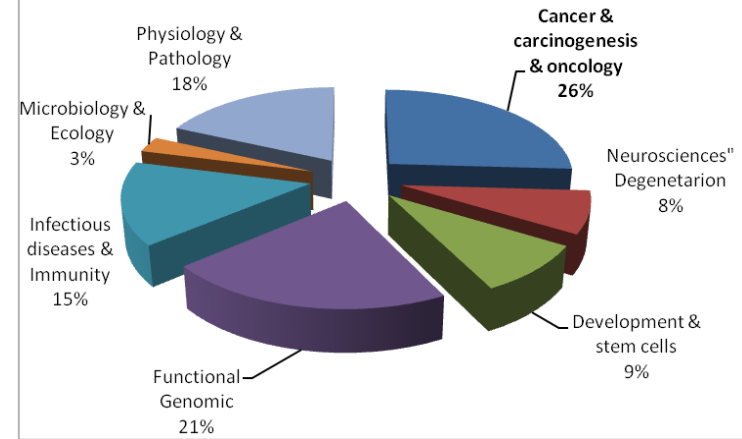


Répartition/activités

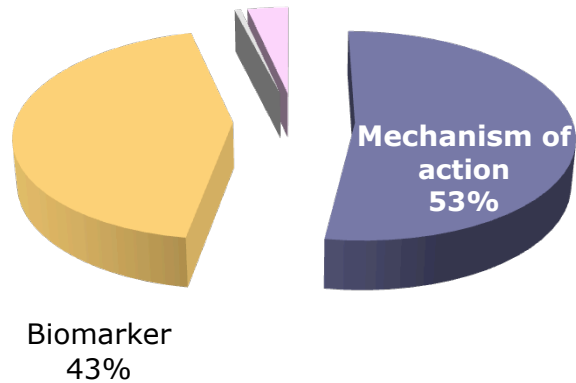
**Répartition/Types de prestations
(Prestations 2003-2009)**



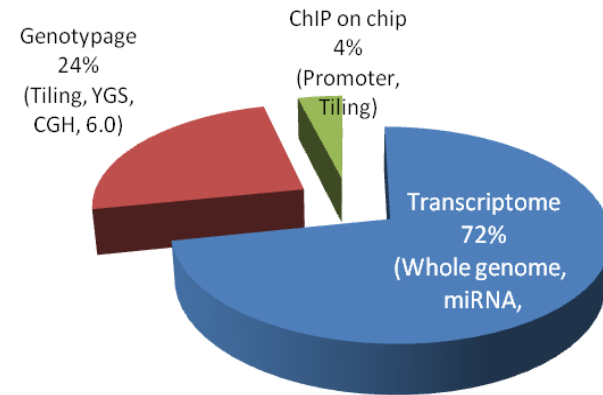
**Répartition/Topics
(prestations 2003-2009)**

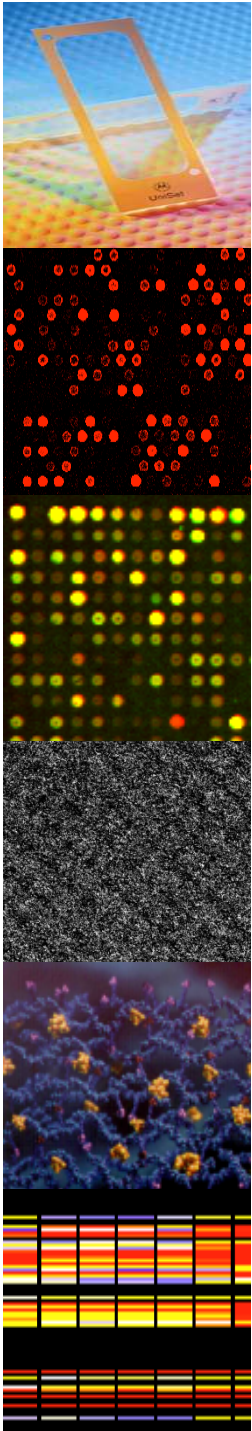


**Target validation
3%**



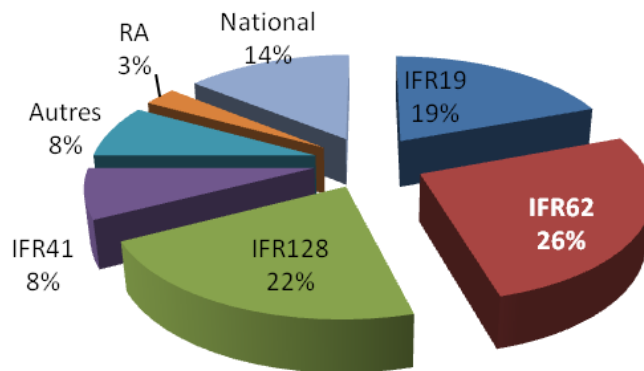
**Répartition/prestations
(2003-2009)**





Ouverture

**Ouverture
(prestations 2003-2009)**



❑ RÉGION RHÔNE ALPES :

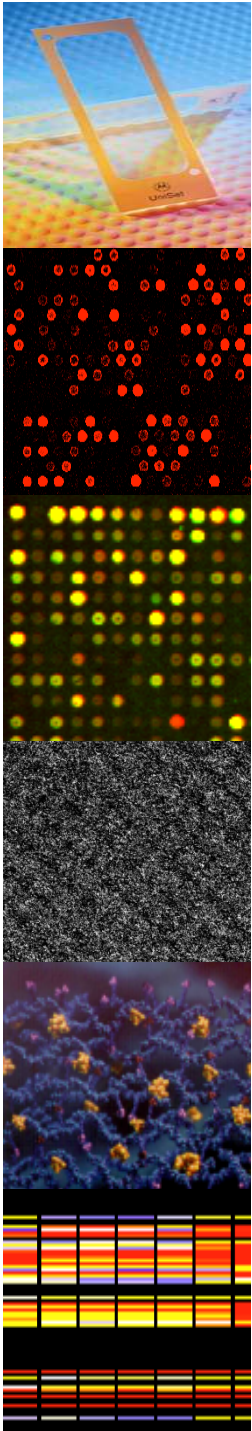
UMR CNRS: 5020, 5167, 5012, 5238, 5537, 5161, 5239, FRE2692, 516, 5242, 5239, 5123, 5240, 5534, FRE 3011, 5086, ERI22, 5557, 5125/ UMR INSERM 4166, 842, 846, 879, 628, 590, 664, 855, 870, 758, 551, / UMR INRA 754, 1235, 851, 886, : UMR CNRS 5163, INSERM 873, 873, 836...
CIRC, EFS, Genzyme, Sanofi-Pasteur,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

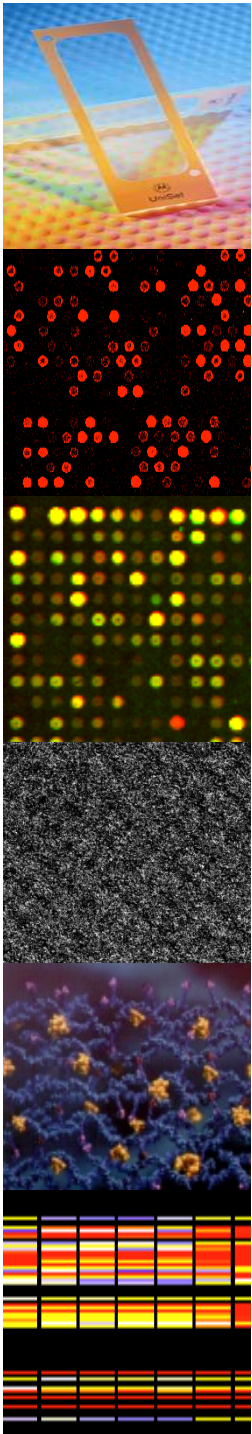
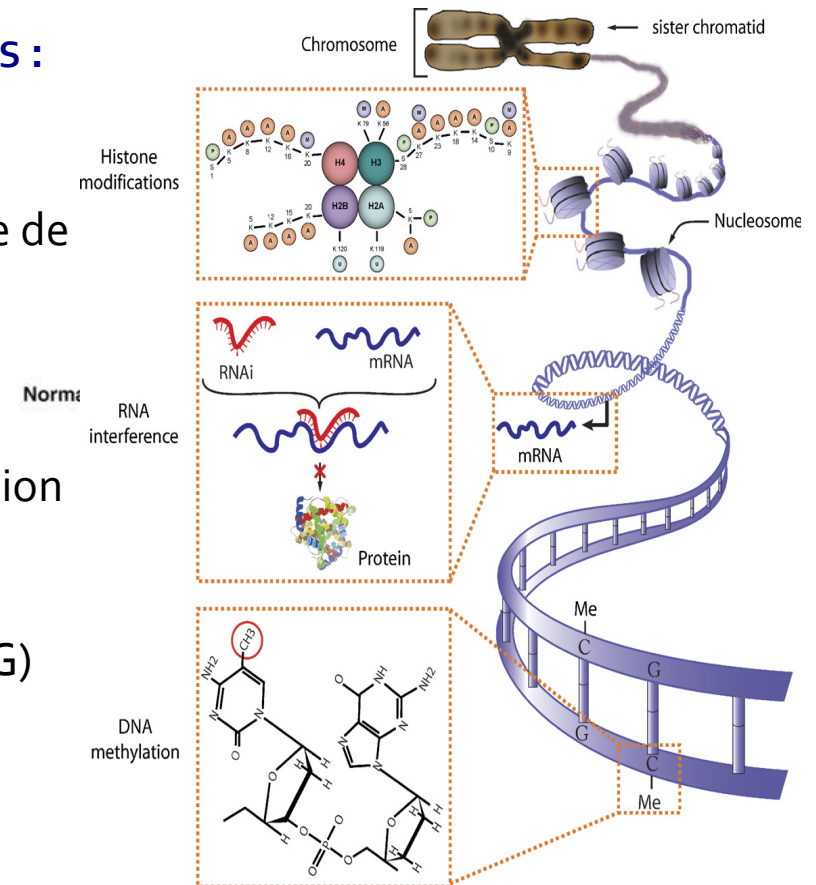
⇒ Génome

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

⇒ Epigénome

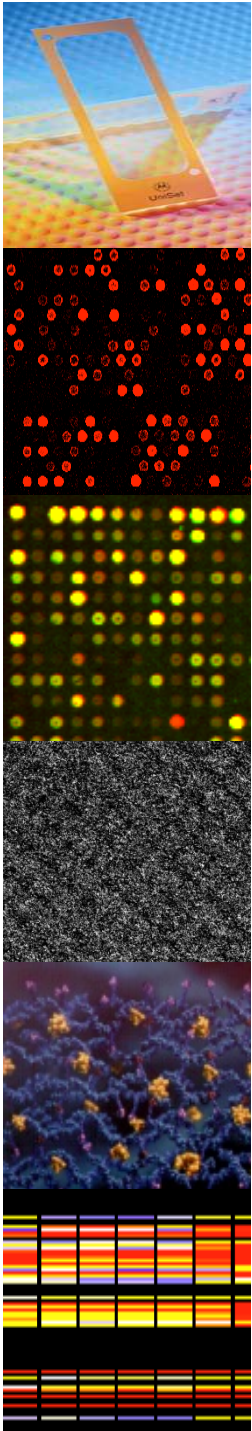
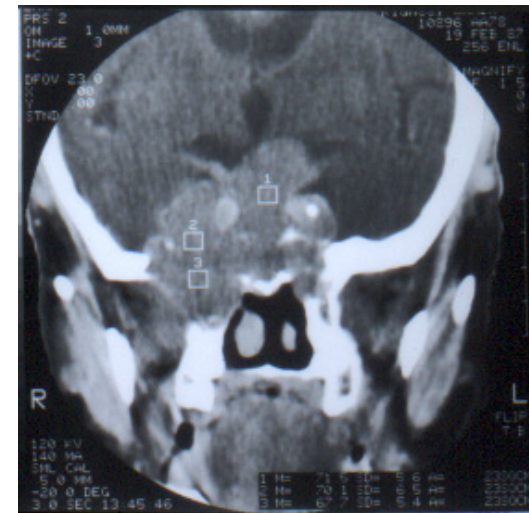
➤ Dérégulation d'expression

⇒ 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
génome

RNA

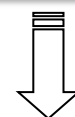
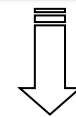
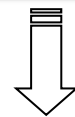
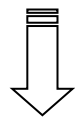
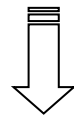
ncRNA

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	+	-	-	-	+	-	+

+

+

+

+

+

+

+

+

-

+

+

+

+

+

-

-

-

-

-

-

+

-

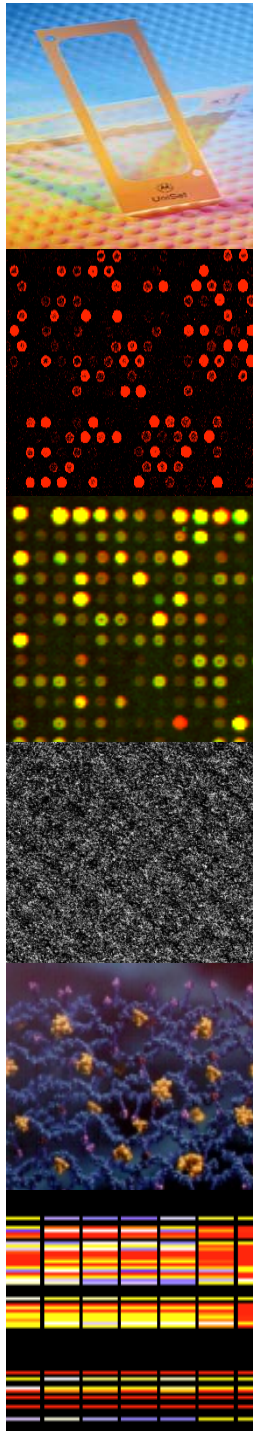
-

-

+

-

+



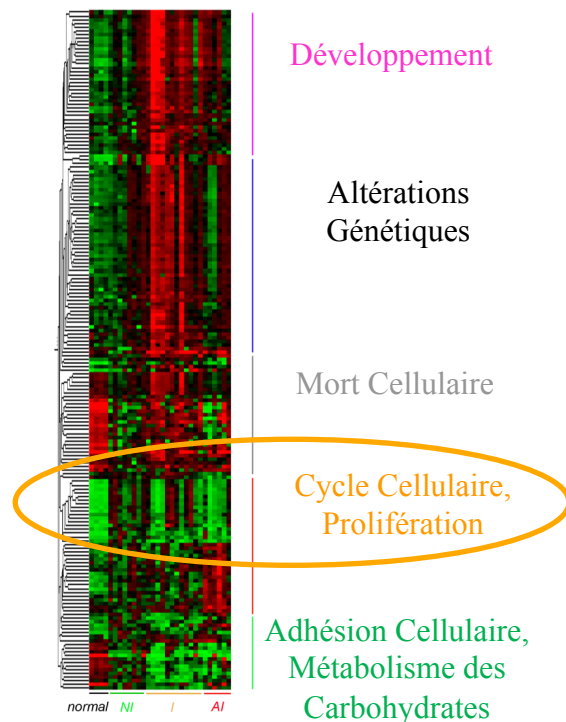
Analyse du transcriptome

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

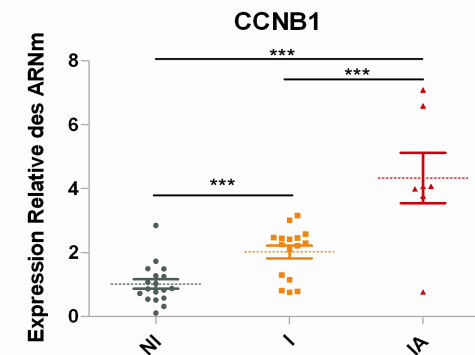
Wierinckx et al., 2010, *J. Clin Endocrinol Metab*, 95:1708-1716

- 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)

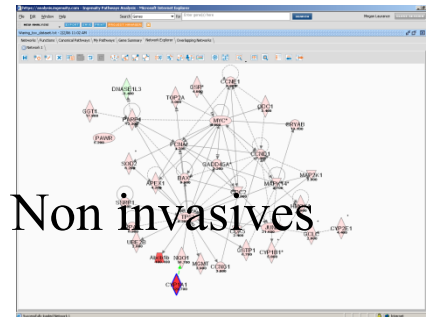


➔ Set de sondes (9 gènes)
Valeur **Diagnostique** et
Pronostique de la récurrence
Brevet n°07 66533

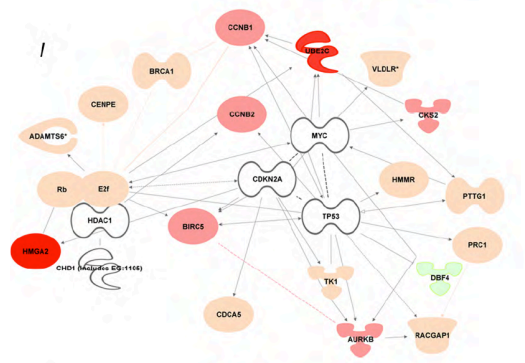
Voies de signalisation

Wierinckx et al., 2010, Mol and Cell Endocrinology

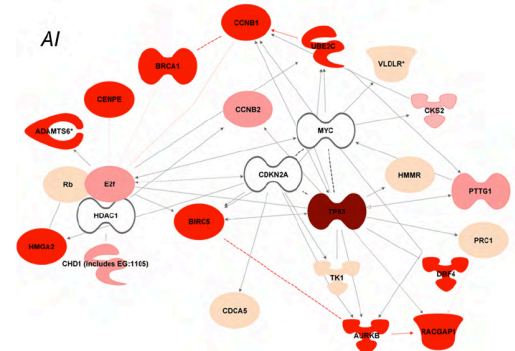
Invasives-agressives



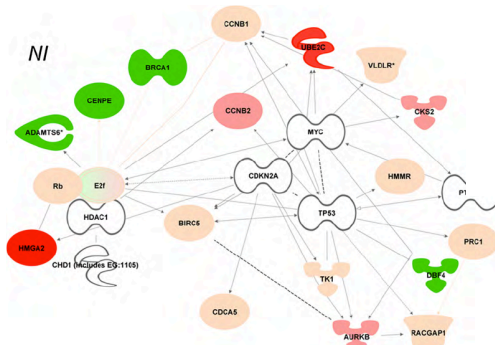
invasives
Networks



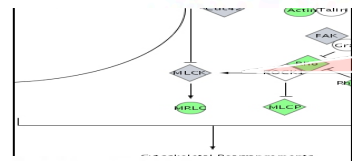
What regul
between th



the most relevant to my genes

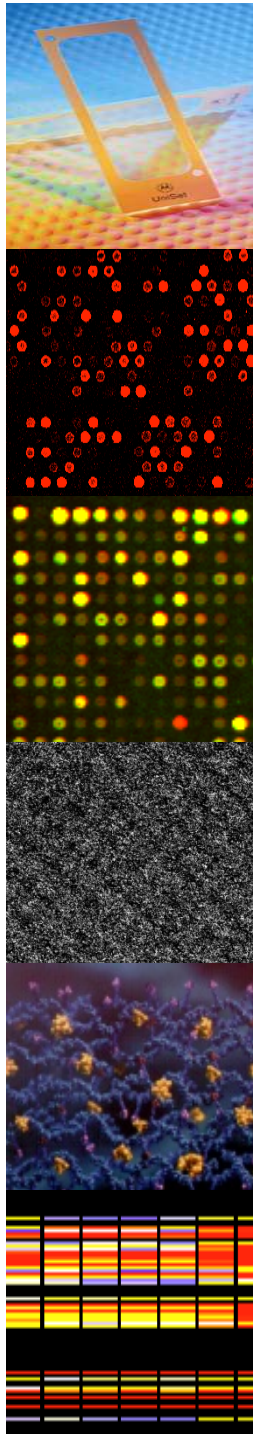


Canonical
Pathways



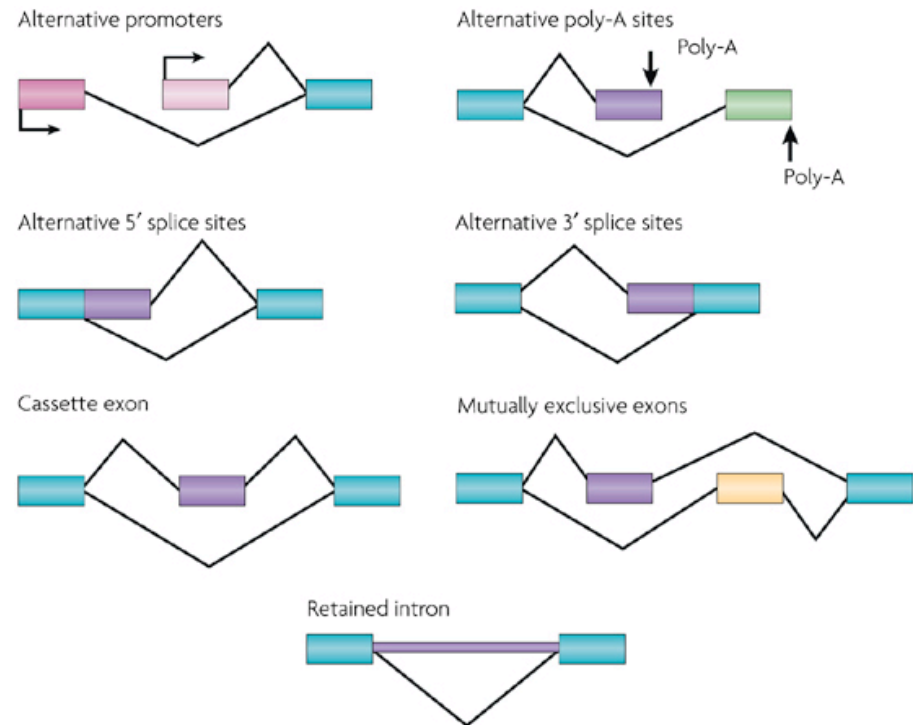
Which well-characterized cell signaling and metabolic pathways are most relevant to my experimental data?

- 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




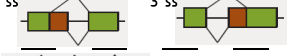

- Concernent un grand nombre de gènes
- Décrits impliqués dans de nombreux mécanismes dont la progression tumorale
- Mécanismes :
 - Promoteurs alternatifs
 - Terminaisons alternatives
 - Epissages alternatifs
 - Rétentions d'introns, exclusivités d'exons



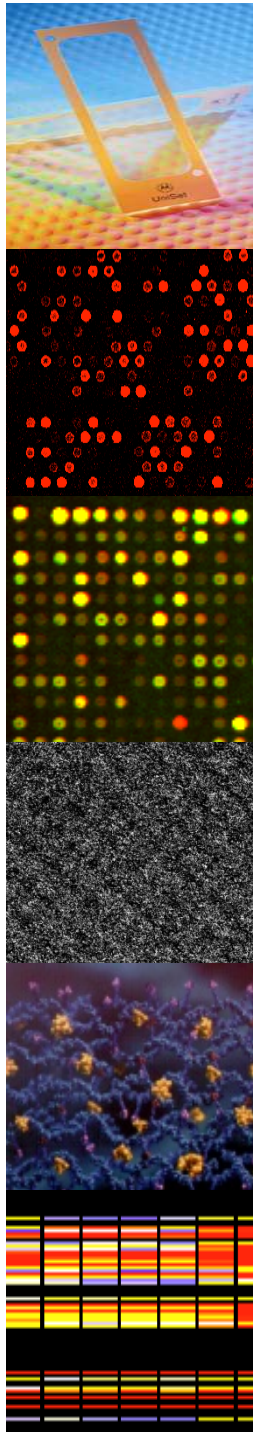
Analyse des variants

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 ¹	% Known events ¹	
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%	
Total		255	100.0%	67	100.0%	

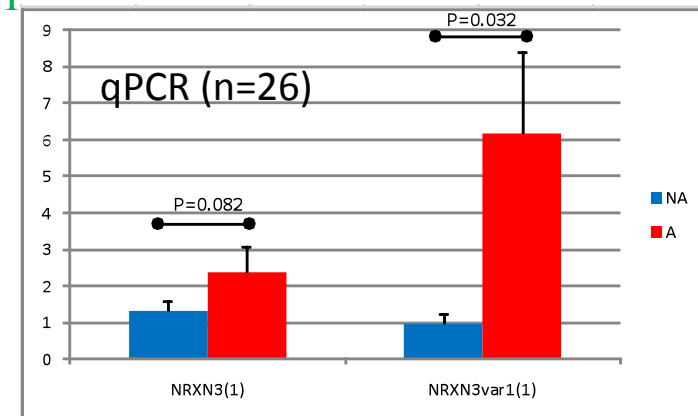
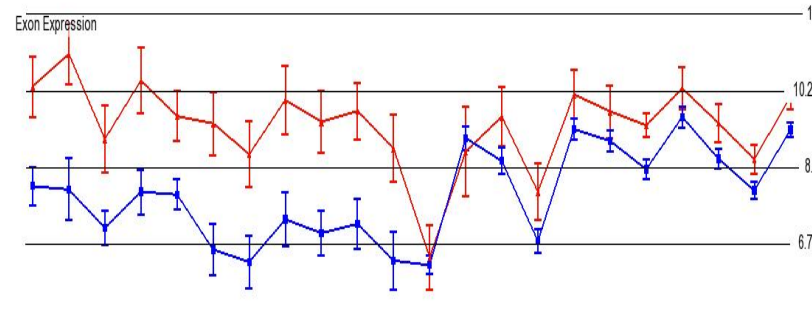
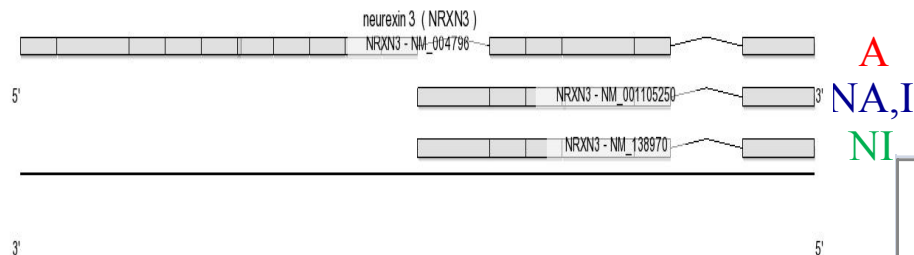
236 genes showing alternative splicing²



Analyse des variants

Wierinckx et al., 2011, en préparation

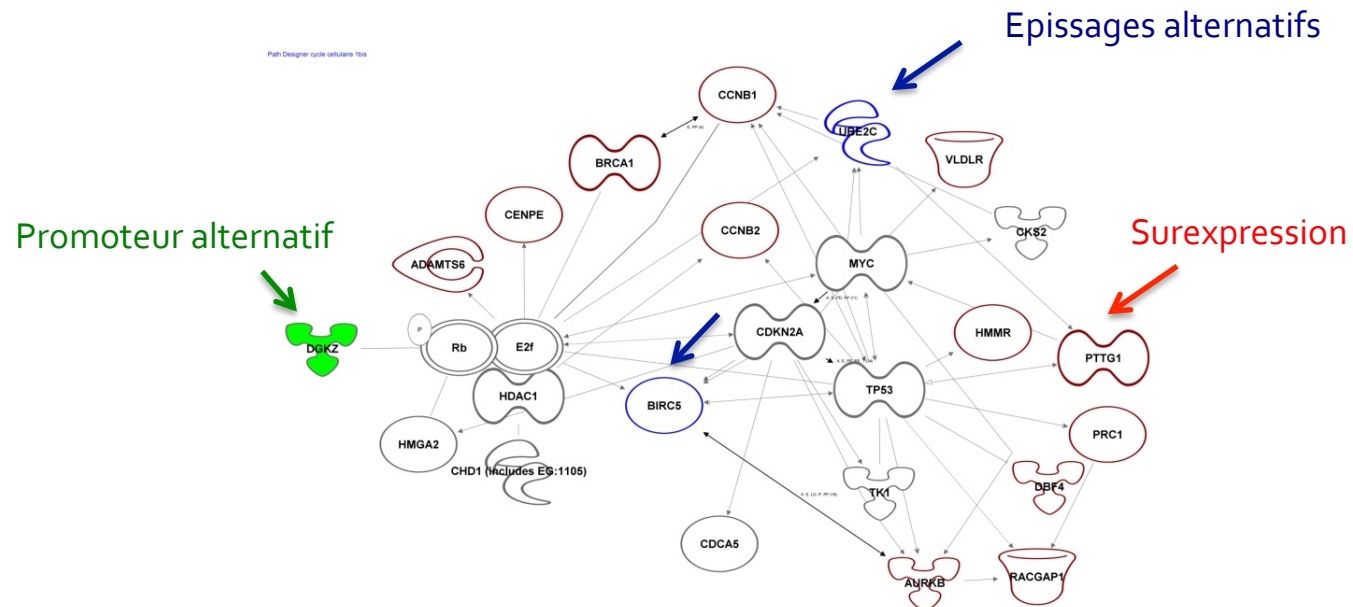
- ❑ 25 prolactinomes humains (11 non-invasives, 14 invasives dont 6 agressives)
 - ❑ Amplification des ARN par IVT/sondes random, marquage streptavidine-Phycoerythrine, hybridation sur Pucés exon Affymetrix humaines (250 000 exons), validation par RT-PCR (Roche)
- ➔ Nouveaux marqueurs. Ex. Neurexine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



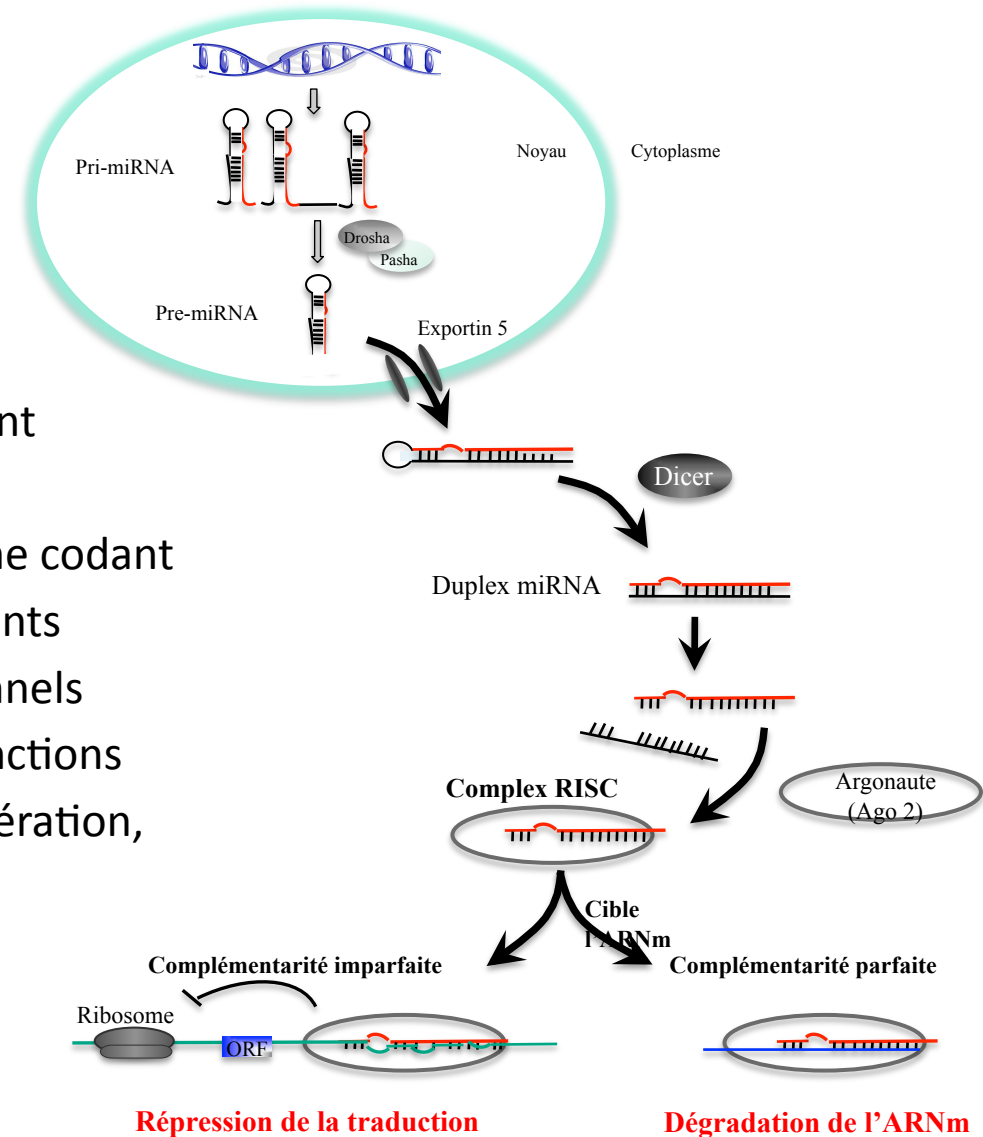
Analyse des variants

Wierinckx et al., 2011, en préparation

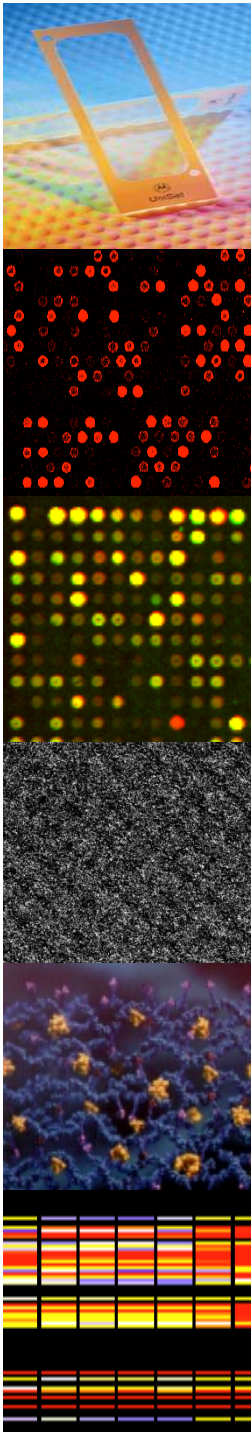
- 25 prolactinomes humains (11 non-invasives, 14 invasives dont 6 agressives)
- Amplification des ARN par IVT/sondes random, marquage streptavidine-Phycoerythrine, hybridation sur Puces exon Affymetrix humaines (250 000 exons), validation par RT-PCR (Roche)
- ➡ Nouveaux marqueurs. Ex. Neurexine 3 (NRXN3)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



MiRNA

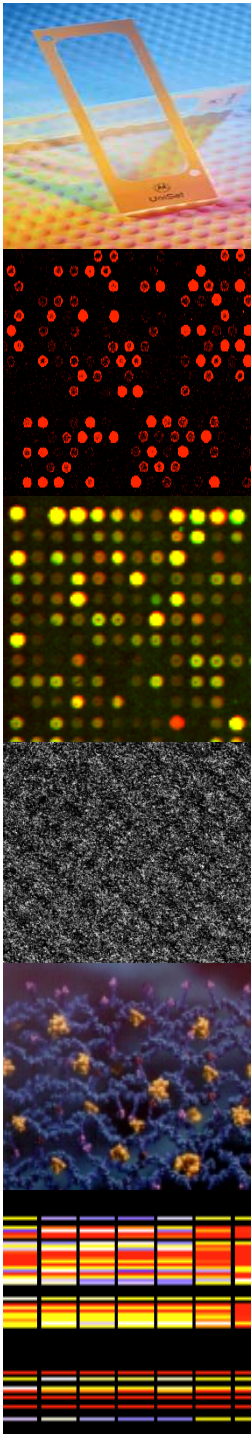


- ARNs non codants de 18 – 22 nt
- Très conservés entre espèces
- Représentent 1-2 % du génome codant
- Régulent 30 % des gènes codants
- Régulateurs post-transcriptionnels
- Impliqués dans différentes fonctions (différenciation cellulaire, prolifération, apoptose, oncogénèse)

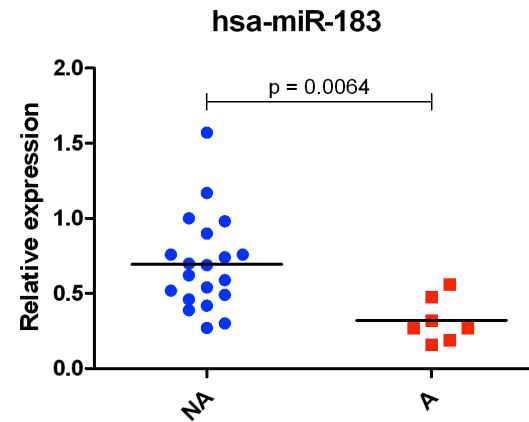
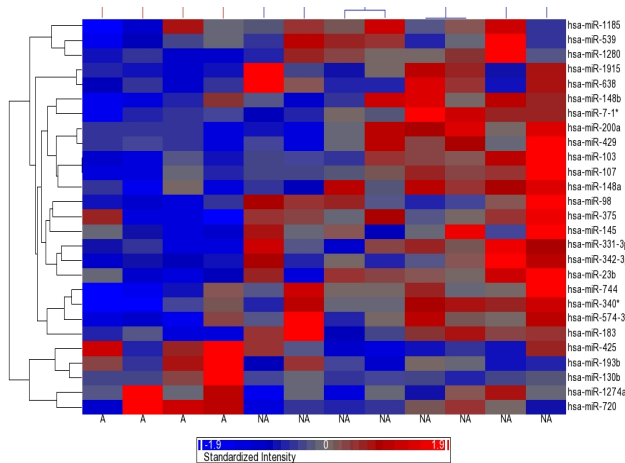
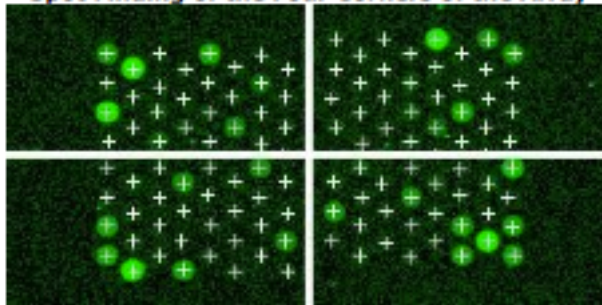


Analyse Epigénétique/miR

- ❑ 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



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

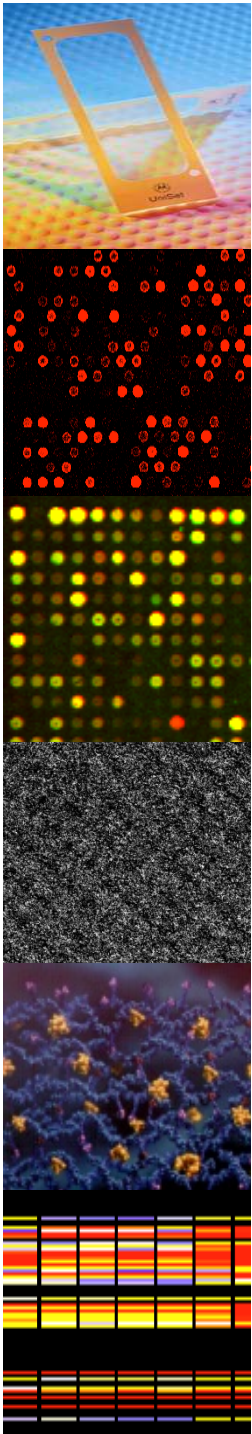
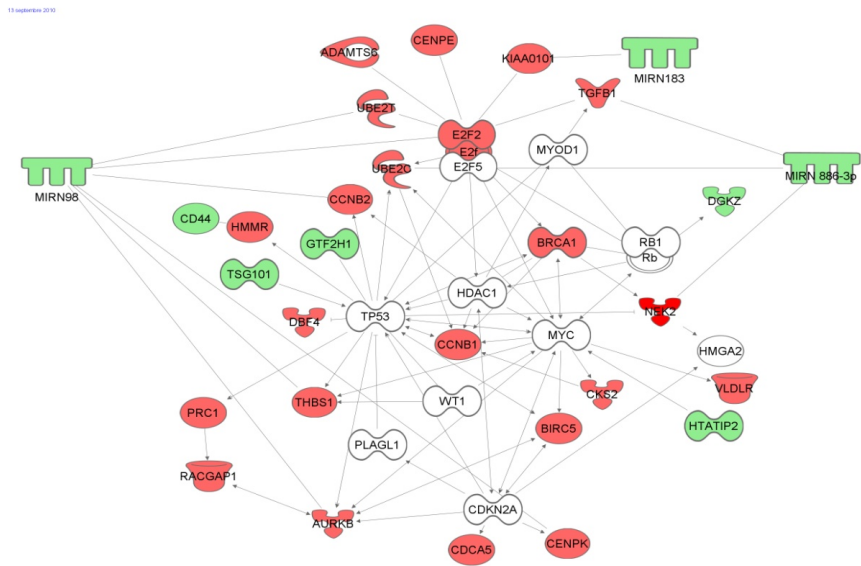
Recherche des cibles cellulaires in silico (Target Scan).

A
NA

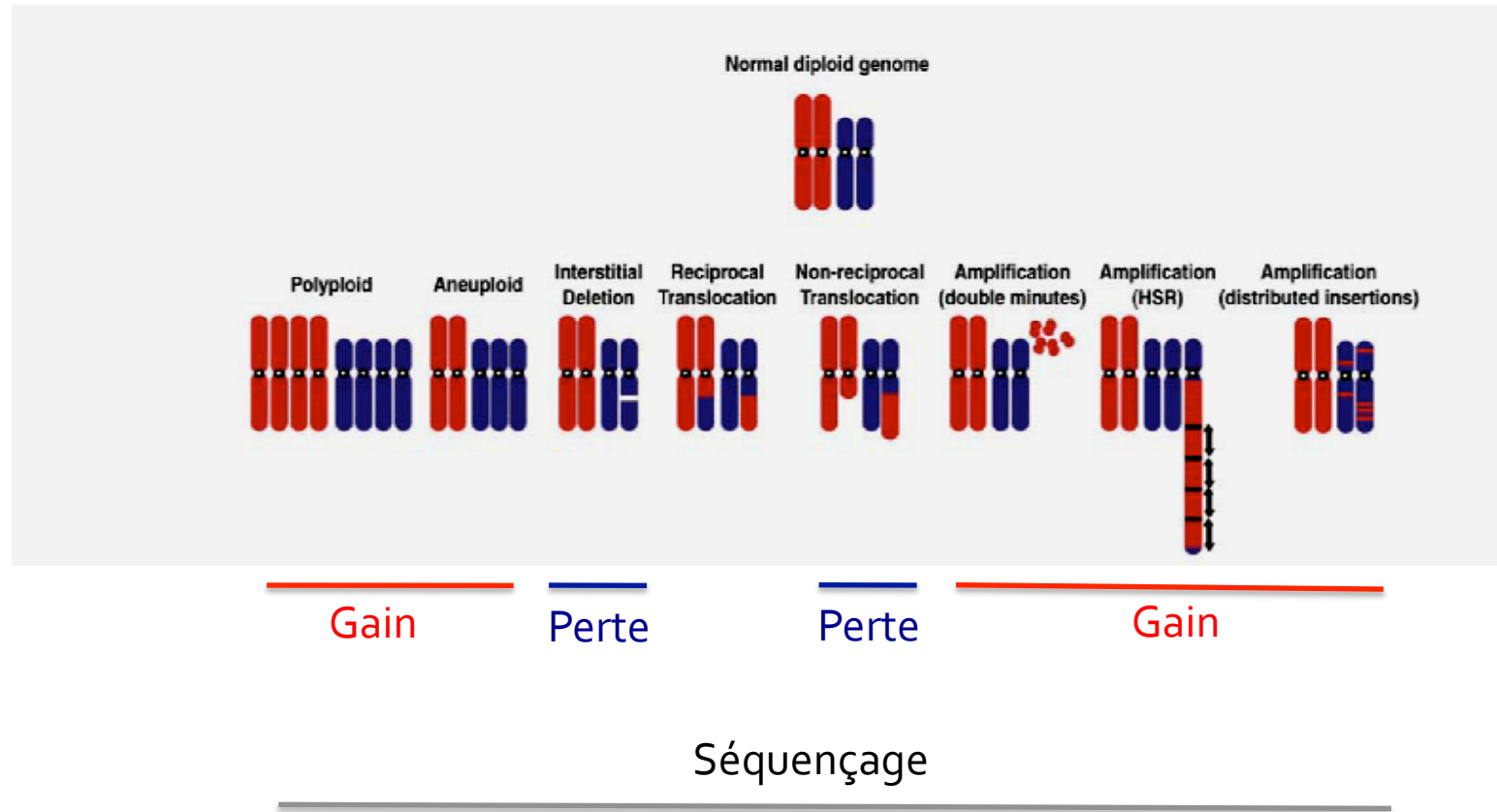
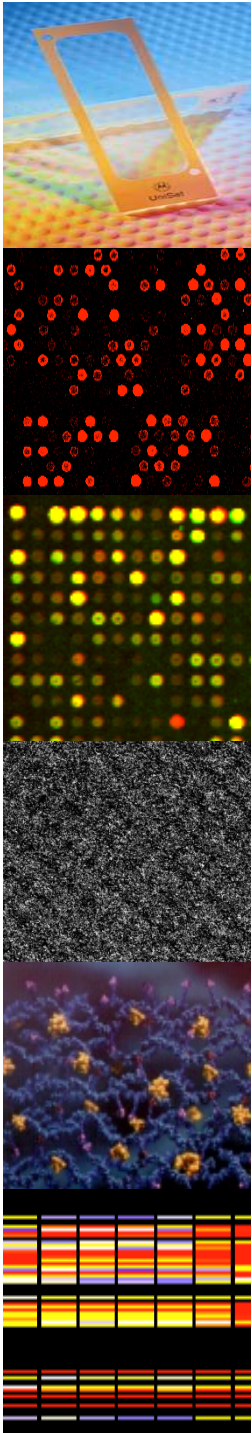
Sample ID	hsa-miR-183	KIAA0101
HH1430	0.28	5.75
HH2376	0.07	3.68
HH1539	0.06	5.24
HH1599	0.22	5.81
HH1512	2.98	0.22
HH1615	2.59	0.13
HH1782	2.90	0.28
HH2171	2.93	0.29
HH2348	1.92	0.52
HH2683	1.02	0.28
HH2806	2.51	0.58
FC (A vs NA)	-15.38	15.48
pvalue	1.77E-04	3.89E-07
Coef corrélation		-0.87

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



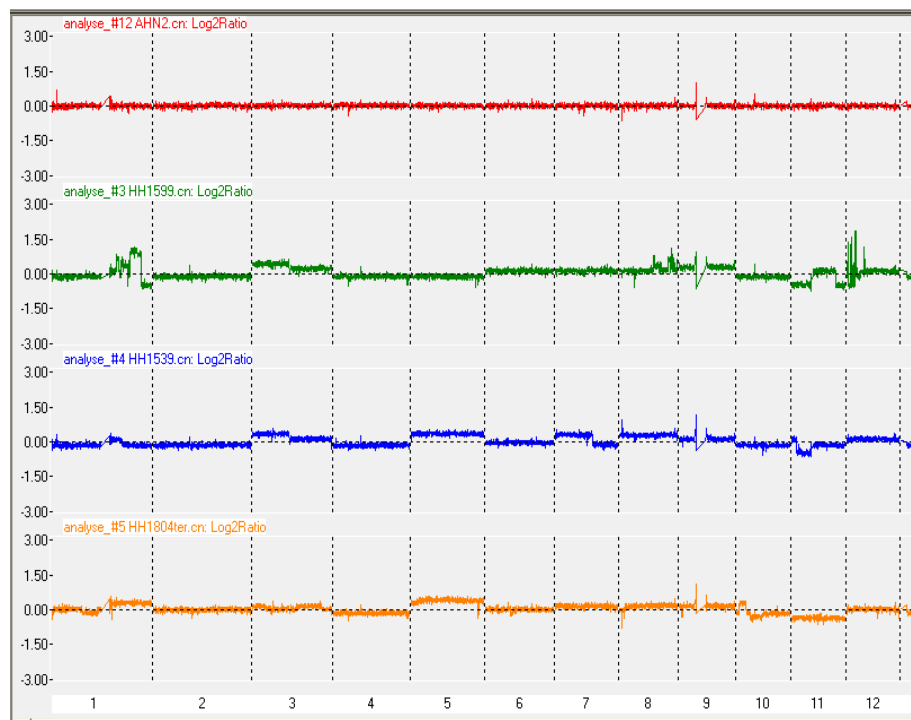
Altérations du génome



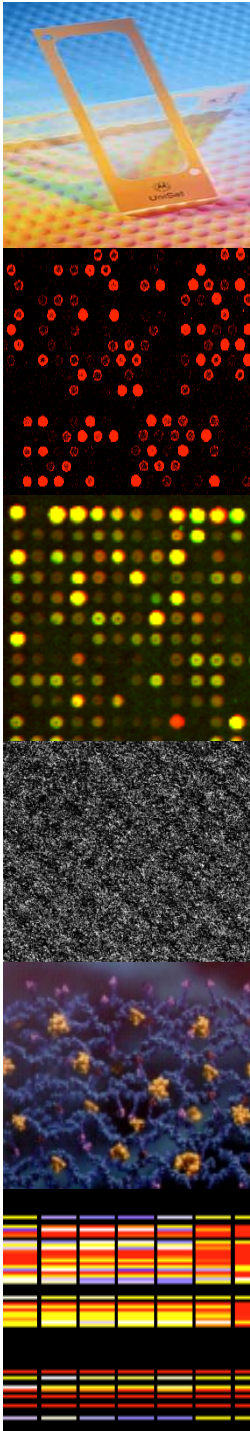
Analyse du génome

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



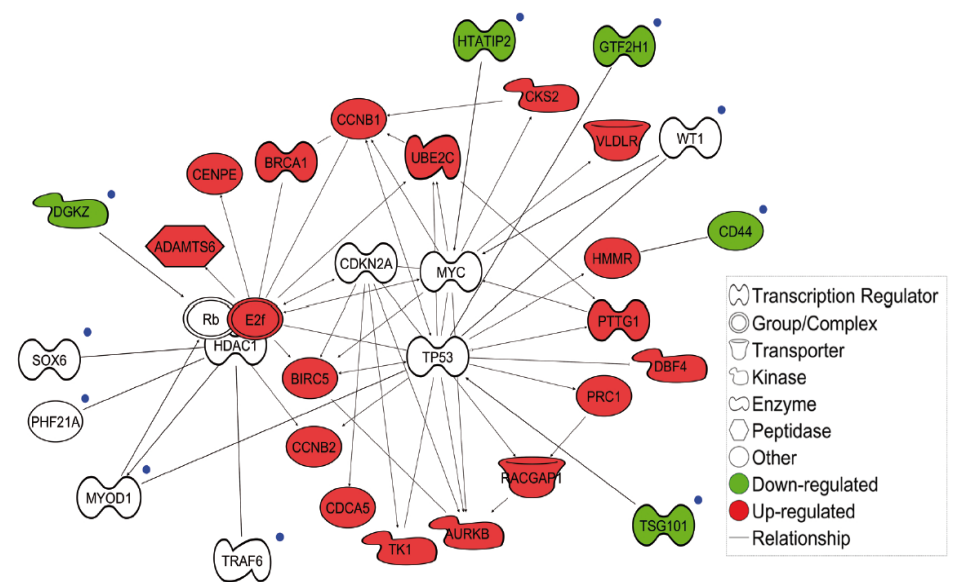
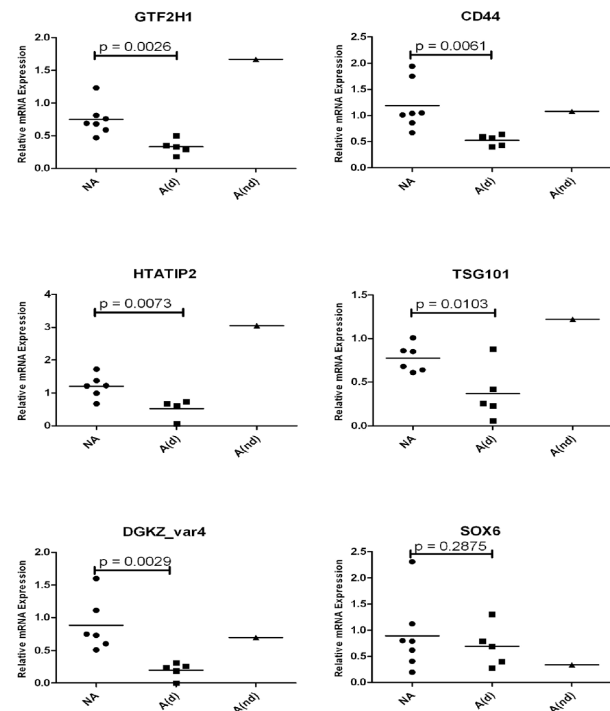
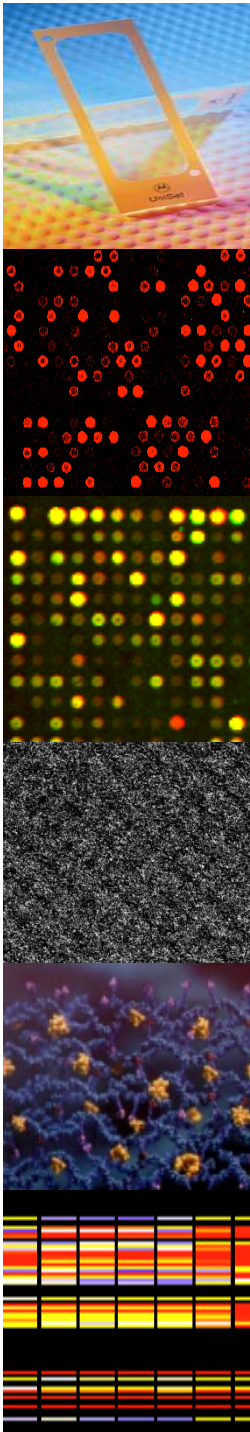
Post operative events	Chromosome gains	Chromosome losses
recurrence, death	3p, 5, 8, 14q, 19p	11p
recurrence	4q	1p, 11p
recurrences, metastasis, death	1q, 3p, 8q, 9, 14q, 19p	1q, 11
recurrences, metastasis, death	1q, 5, 15q, 19q	11, 17p
recurrences, metastasis	1q, 8q	1, 4, 11, 13q, 15q
recurrence	---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

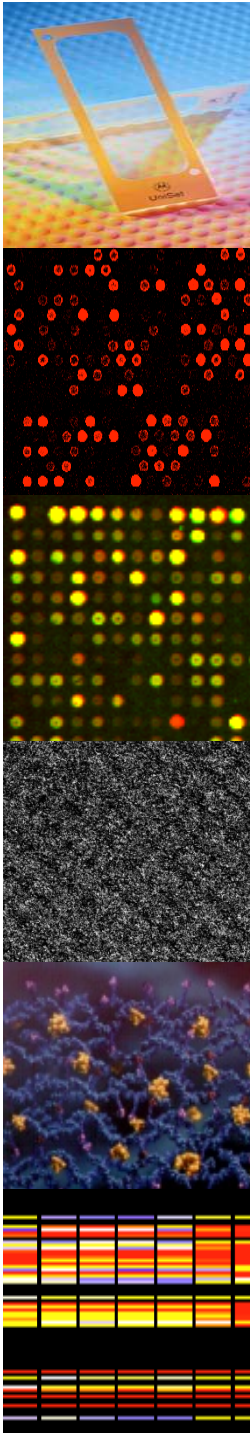


Analyse du génome

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 Pucés 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



Review

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

Anne Wierinckx^{a,b,c}, Gérald Raverot^{a,d}, Nicolas Nazaret^c, Emmanuel Jouanneau^{a,e}, Carole Auger^a, Joël Lachuer^{a,b,c,1}, Jacqueline Trouillas^{a,f,*,1}

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

Anne Wierinckx^{1,3,4}, Carole Auger^{1,2}, Pauline Devauchelle¹, Arlette Reynaud³, Pascale Chevallier^{1,2}, Michel Jan⁵, Gilles Perrin³, Michelle Fèvre-Montange¹, Catherine Rey⁴, Dominique Figarella-Branger⁶, Gérald Raverot^{1,3}, Marie-Françoise Belin¹, Joël Lachuer^{1,2,4} and Jacqueline Trouillas^{1,2,3}

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^{1,2}, Magali Roche^{2,3}, Gérald Raverot^{1,2,4}, Catherine Legras-Lachuer^{2,5}, Séverine Croze⁵, Nicolas Nazaret⁵, Catherine Rey⁵, Carole Auger^{1,2}, Emmanuel Jouanneau^{1,6}, Philippe Chanson^{7,8,9}, Jacqueline Trouillas^{1,2,10}, Joël Lachuer^{1,2,5,*}

DOI: 10.1111/j.1750-3639.2011.00476.x

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

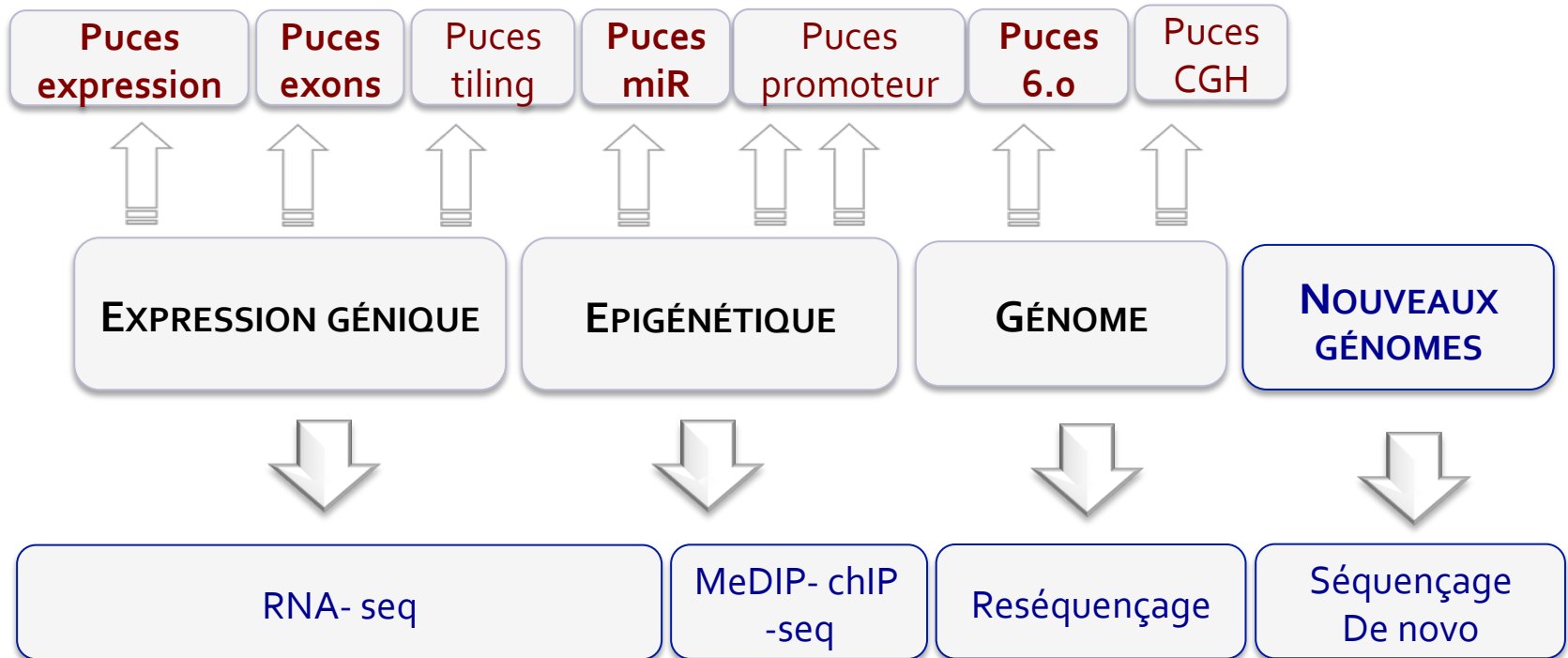
Issue



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)

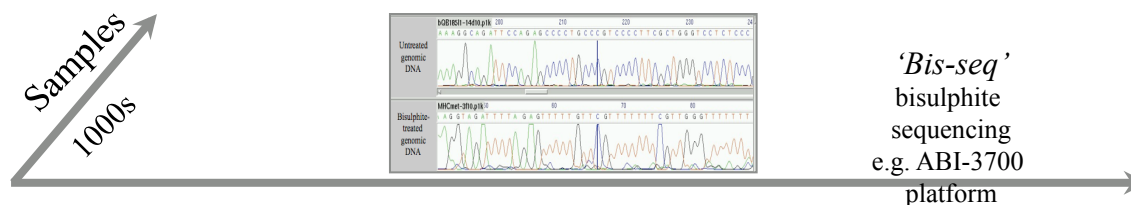
Pathogen
discovery
Metagenomics

Meilleure couverture

Genome

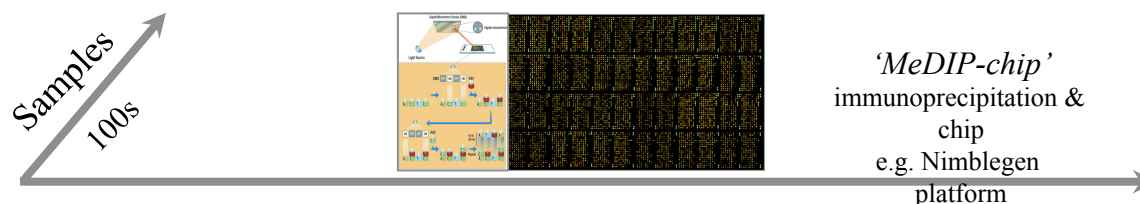


candidate approach



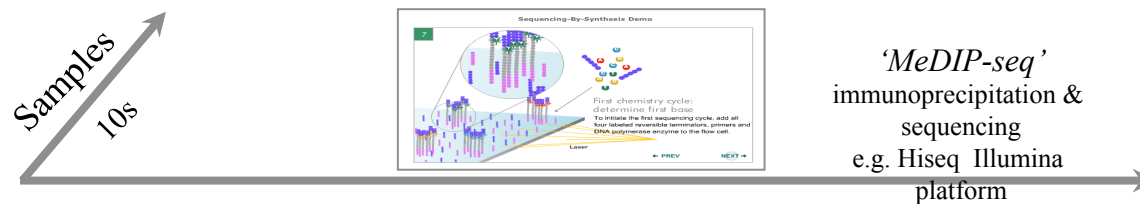
Coverage
(0.1-1%)

genome-wide approach

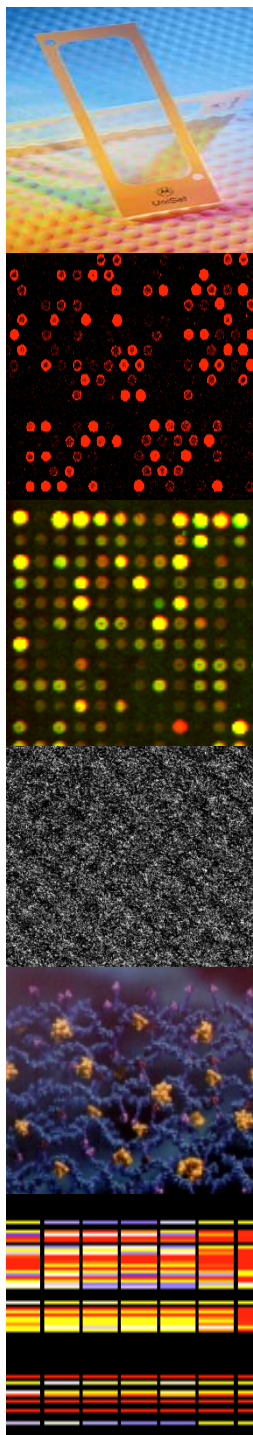


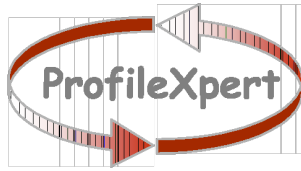
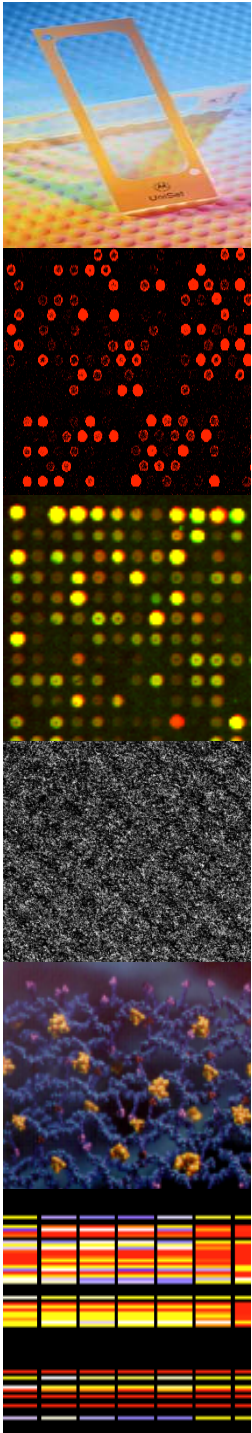
Coverage
(1-10%)

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 :

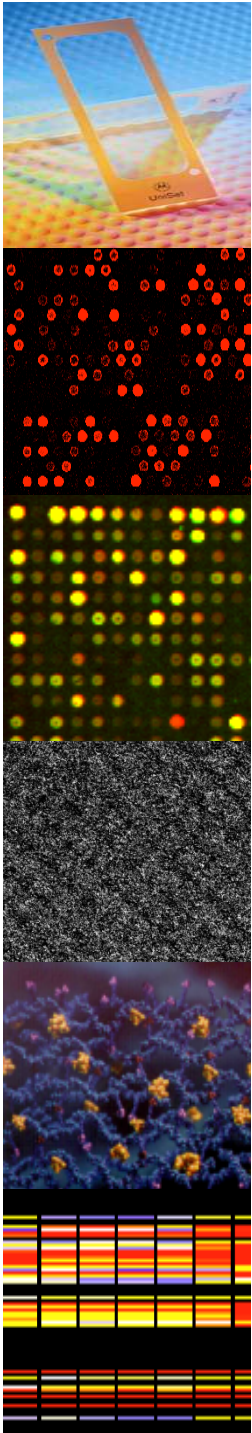
Pyroséquençage
Lectures longues : 500b
1.2 millions de séq./run
Multiplexage

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)

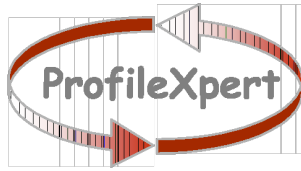
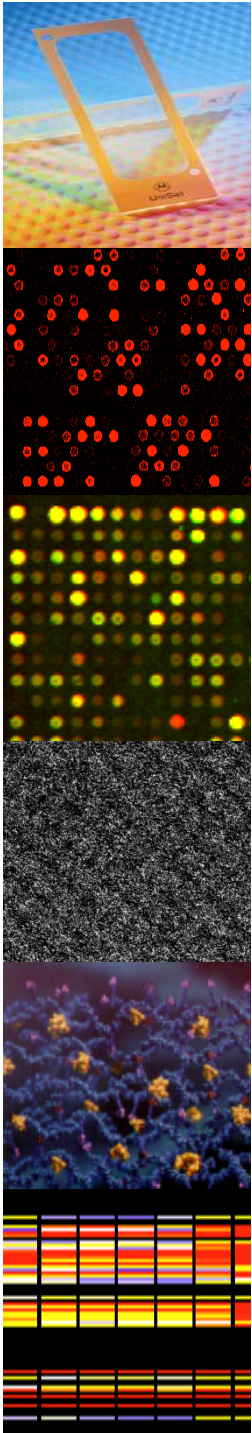


Ressources humaines :

2 ingénieurs biologistes/3ans

1 poste ingénieur biologistes UCBL-1

1 ingénieur bioinformaticien/3ans



Pourquoi 2 séquenceurs?

Hiseq 2000 Illumina



Applications :

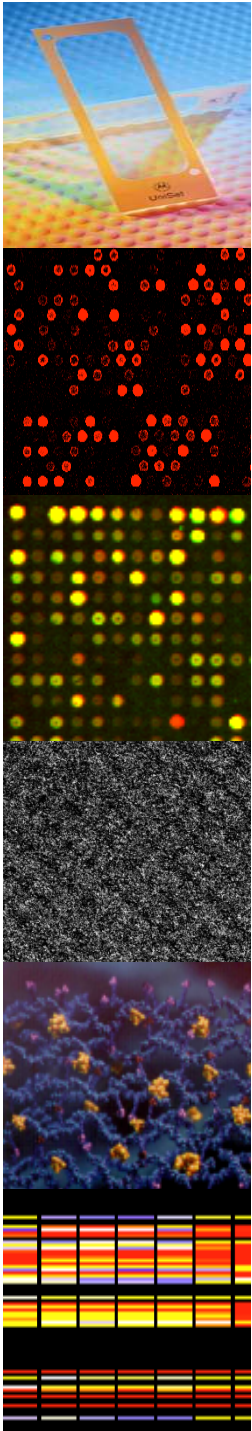
- Transcriptome avec génome de référence : RNAseq
 - Re-séquençage
 - Epigénome : CHIP-seq, MeDIP-seq :
 - Petits ARN : miRNA, snRNA
-
- Métagénomique
 - Séquençage *de novo*

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

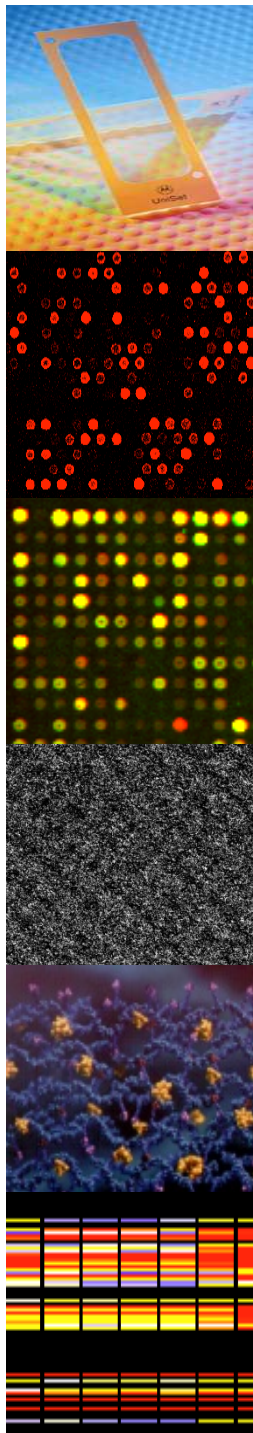
Centre Recherche Cancer Lyon

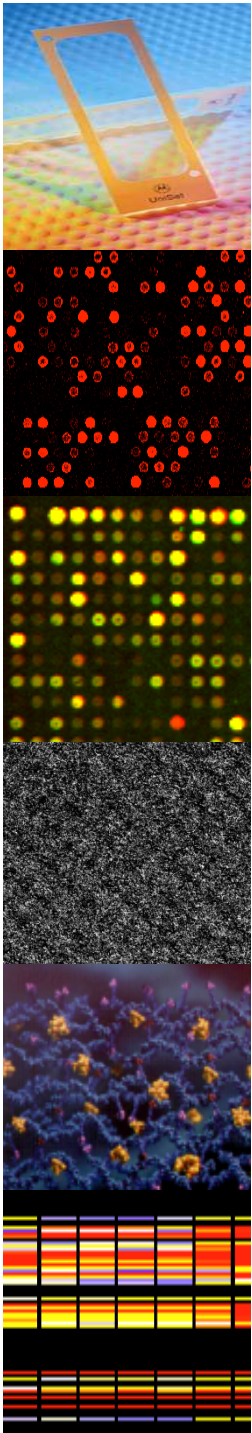
D. Auboeuf
Variants

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