



## SECTION GENETIQUE (GEN)

**Chef**  
Dr Paul Brennan

LA SECTION GENETIQUE (GEN) REUNIT LES GROUPES EPIDEMIOLOGIE GENETIQUE (GEP), PREDISPOSITIONS GENETIQUES AU CANCER (GCS) ET BIostatistique (BST). SES RECHERCHES COMBINENT AINSI DE VASTES ETUDES EN POPULATION AVEC L'EXPERTISE DE LABORATOIRE ET EN BIostatistique, POUR IDENTIFIER DES GENES ET DES PROFILS GENETIQUES PARTICULIERS PARTICIPANT A LA CANCEROGENESE ET ELUCIDER DE QUELLE FAÇON ILS EXERCENT LEURS EFFETS EN INTERACTION AVEC LES FACTEURS ENVIRONNEMENTAUX. LA SECTION GEN CHERCHE EGALEMENT A IDENTIFIER LES INDIVIDUS QUI ONT UN RISQUE DE CANCER SUFFISAMMENT ELEVE POUR TIRER PROFIT DES STRATEGIES EXISTANTES DE REDUCTION DU RISQUE.

Les projets de la Section GEN nécessitent généralement un important travail de terrain en collaboration avec des chercheurs extérieurs, afin de mettre en œuvre des études épidémiologiques de grande envergure qui collectent des données cliniques et d'exposition adéquates, ainsi que des échantillons biologiques. C'est l'approche adoptée par le Groupe GEP qui s'intéresse surtout à l'identification et à l'analyse de variants génétiques de prédisposition fréquents et à leur interaction avec des facteurs de risque non génétiques. Ces analyses incluent l'étude de gènes candidats, des études d'association pangénomique (GWA) et des travaux de séquençage. Les recherches du Groupe GEP consistent également à évaluer les expositions aux facteurs non génétiques, en partie à cause de leur impact important sur l'incidence des cancers, mais aussi pour permettre une évaluation précise des interactions gène-environnement. A l'inverse, le Groupe GCS axe davantage ses recherches sur l'identification de variants génétiques rares ou peu courants, susceptibles d'exercer un effet

plus important que les polymorphismes nucléotidiques (SNP), mais dont la faible fréquence ne permet pas leur capture par les techniques actuelles de génotypage pangénomique. Pour étudier ces variants rares, le Groupe GCS utilise donc les techniques de génomique et de bioinformatique, en complément d'approches plus traditionnelles. Il s'appuie également sur la génomique pour étudier la façon dont ces variants peuvent conférer une prédisposition génétique au cancer. Le programme de recherche du Groupe GCS vient ainsi compléter celui du Groupe GEP. Il offre par ailleurs une plateforme de techniques génomiques haut débit et des services de bioinformatique, permettant la réalisation des projets d'épidémiologie moléculaire à grande échelle de la Section GEN et d'autres études génomiques conduites par le CIRC. Enfin, le Groupe BST coopère à toutes les étapes de ces projets pour apporter son assistance en matière d'analyses statistiques au sein de la Section GEN et plus largement à toutes les Sections de recherche du Centre.



# GROUPE BIOSTATISTIQUE (BST)

## **Chef**

Dr Graham Byrnes

## **Secrétariat**

Isabelle Rondy

Nicole Suty

(jusqu'en juin 2015)

## **Assistant (biostatistique)**

Liacine Bouaoun

Le Groupe Biostatistique (BST) a poursuivi ses collaborations avec plusieurs Sections du CIRC. Dans certains cas, il s'agissait de développer de nouvelles approches, dans d'autres d'identifier des techniques standards appropriées, avec pour objectif dans tous les cas d'assurer la fiabilité des résultats scientifiques du Centre.

Parmi les principales activités méthodologiques, citons le recours aux techniques de modélisation pour estimer le fardeau mondial du cancer imputable au surpoids et à l'obésité (Arnold et coll., 2015a), l'identification de profils de mutations somatiques suggérant l'intervention de l'acide aristolochique dans le développement du carcinome hépatocellulaire en Roumanie (Scelo

et coll., 2014), le développement d'une approche pour l'analyse épigénétique du risque de cancer pédiatrique (Ghantous et coll., 2015) et l'exploration de l'approche « *meet-in-the-middle* » pour l'analyse multi-omique (Assi et coll., 2015).

Le Groupe BST a également contribué à améliorer l'exploitation de nombreux types de données pour identifier des facteurs génétiques germinaux, associés au risque de cancer des voies aérodigestives (Delahaye-Sourdeix et coll., 2015a, 2015b).

Enfin, dans le cadre de ses travaux statistiques de routine, le Groupe a participé à quelques articles traitant des facteurs de risque pour le cancer de la thyroïde (Zamora-Ros et coll., 2015a).

## **Le Groupe BST remercie les personnes suivantes pour leur collaboration :**

John Mathews, James Dowty, John Burgess, Melbourne, Australie ; Elisabeth Cardis, Barcelone, Espagne ; Francesca Damiola, Pierre Hainaut, Lyon, France ; Sarah Darby, Oxford, Royaume-Uni.



# GROUPE PREDISPOSITIONS GENETIQUES (GCS)

## **Chef**

Dr James McKay

## **Chercheurs**

Dr Behnoush Abedi-Ardekani

Dr Lynnette Fernandez-Cuesta

Dr Matthieu Foll

Dr Florence Le Calvez-Kelm

## **Chercheur extérieur**

Dr Behnoush Abedi-Ardekani

(jusqu'en décembre 2014)

## **Techniciens de laboratoire**

Amélie Chabrier

Geoffroy Durand

Nathalie Forey

Nivonirina Robinot

(jusqu'en octobre 2015)

## **Bioinformaticiens**

Dr Maxime Vallée

(jusqu'en novembre 2014)

Catherine Voegelé

## **Secrétariat**

Isabelle Rondy

Nicole Sutý

(jusqu'en juin 2015)

## **Boursiers postdoctoraux**

Dr Patrice Avogbe

Dr Mohd Arifin Bin Kaderi

(jusqu'en avril 2014)

Dr Lynnette Fernandez-Cuesta

(jusqu'en décembre 2014)

Dr Maroulio Pertesi

(jusqu'en avril 2015)

## **Etudiants**

Georgios Antonopoulos

(jusqu'en mars 2014)

Thomas Boyer

(jusqu'en septembre 2015)

Manon Delahaye

(jusqu'en novembre 2014)

Tiffany Delhomme

Violeta Facciolla

(jusqu'en mars 2014)

Yellana Ikdoumi

(jusqu'en juillet 2014)

Noémie Leblay

Marion Perez

(jusqu'en septembre 2014)

Le Groupe Prédilections génétiques au cancer (GCS) assure deux fonctions d'égale importance au sein du CIRC. D'une part, il agit comme un centre de ressources offrant des services de laboratoire, de pathologie et de bioinformatique pour les recherches génomiques du Centre. D'autre part, en étroite collaboration avec ses partenaires au sein de la Section, les Groupes Epidémiologie génétique (GEP) et Biostatistique (BST), il réalise des études génomiques et génétiques pour identifier des gènes associés au cancer et explorer leurs mécanismes d'action. A travers ses recherches, il vise à fournir des informations sur l'étiologie des cancers, leur détection précoce et leur prévention.

Au cours du biennium 2014–2015, le Groupe GCS a accueilli trois chercheurs : les Dr Matthieu Foll, Lynnette Fernandez-Cuesta et Behnoush Abedi-Ardekani. Leur arrivée a considérablement renforcé les compétences de l'équipe dans les domaines de la bioinformatique, des mutations somatiques et de la pathologie associée à la génomique, respectivement.

#### ETUDES D'ASSOCIATION PANGENOMIQUES

Au cours de ce biennium, le Groupe GCS a obtenu l'un de ses résultats scientifiques les plus marquants dans le cadre d'une vaste étude d'association pangénomique (GWA pour *genome-wide association*) du cancer du poumon, basée sur le principe d'imputation. Cette étude, entreprise en collaboration avec l'*Institute of Cancer Research* (Royaume-Uni), le *Dartmouth College* (Etats-Unis) et le NCI (*National Cancer Institute*) américain (Wang et coll., 2014a), compte 21 594 cas de cancer et 54 156 témoins, ce qui fait d'elle une des plus grandes études génétiques sur le cancer du poumon conduite à ce jour. Elle a permis d'identifier trois nouveaux variants : un variant allélique fréquent

ayant peu d'effet (rs13314271, situé près de *TP63*) et deux variants rares ayant un effet important (rs1787996, variant faux sens dans [I157T] de *CHEK2*, et rs11571833, variant tronqué qui aboutit à la perte de 93 acides aminés de la partie terminale du produit de *BRCA2*). Par ailleurs, on a observé que rs1571833 était aussi fortement associé au cancer des voies aérodigestives supérieures (Delahaye-Sourdeix et coll., 2015a). Les résultats obtenus pour le variant de *CHEK2* valident les précédentes observations du Groupe GCS indiquant qu'il est inversement associé au cancer du poumon, ce qui contraste avec le risque plus élevé d'autres cancers, parfaitement décrit pour ce variant. Quant à la variation génétique dans *BRCA2*, ce gène si bien étudié, elle n'avait encore jamais été associée à une prédisposition aux cancers du poumon et des voies aérodigestives. De telles observations suggèrent l'intervention d'autres mécanismes de prédisposition et montrent comment des résultats inattendus d'études génétiques agnostiques peuvent apporter de précieuses informations sur l'étiologie du cancer.

Le Groupe GCS a également coordonné une méta-analyse GWA du lymphome de Hodgkin qui a permis d'identifier un locus de prédisposition proche de *TCF3*, gène indispensable au développement des lymphocytes B (Cozen et coll., 2014). Il a participé à la caractérisation de variants rares, associés au cancer du sein, dans le gène *RINT1* (Park et coll., 2014a) et le complexe MRE11A-RAD50-nibrin (Damiola et coll., 2014a). Par ailleurs, dans le cadre d'une étude cas-témoin multicentrique, la Section GEN a terminé le recrutement de 2535 cas de cancer du rhinopharynx (CRP) et 2652 témoins en Malaisie (Sarawak), en Thaïlande, à Singapour et en Indonésie. L'analyse de liaison de 17 cas de CRP

appartenant à un pedigree étendu (sous-groupe ethnique), recrutés en Malaisie, a permis d'identifier un locus intéressant en 6p22.1. Ce locus contient en effet le gène *HLA-A*, précédemment impliqué dans le CRP. En collaboration avec le NCI américain, le Groupe GCS a montré que l'allèle *HLA-A\*24:07* permet de distinguer les CRP dans ce pedigree. En dehors du Sarawak où il est relativement fréquent, l'allèle *HLA-A\*24:07* est très rare ailleurs. Les recherches sont en cours pour savoir s'il est associé au CRP dans l'étude cas-témoin.

#### PLATEFORME DES SERVICES GENETIQUES

La Plateforme des services génétiques a supervisé l'installation d'un robot supplémentaire de traitement des liquides pour faciliter les analyses de laboratoire et la gestion des quelques 100 000 échantillons d'ADN hébergés par le Groupe et provenant d'environ 75 études. Un séquenceur automatisé nouvelle génération « Ion Torrent Proton » a également été installé. Le Groupe GCS entretient par ailleurs des collaborations avec les prestataires de services locaux pour pouvoir accéder à d'autres techniques de génomique, telle que la technologie Illumina (HiSeq/HiScan). En ce qui concerne la bioinformatique, il a supervisé deux mises à jour techniques du cluster de calcul haute performance du CIRC et des systèmes de gestion des données. Il s'est plus particulièrement attaché à développer des algorithmes capables de détecter des variants à faible fréquence allélique, lors du reséquençage ciblé de nouvelle génération. Enfin, le Groupe GCS a activement participé à la constitution du Comité directeur de Bioinformatique qui contrôle la bioinformatique dans l'ensemble du Centre.

**Le Groupe GCS remercie les personnes suivantes pour leur collaboration :**

Le Professeur Gilles Thomas et son équipe de Synergie Lyon Cancer (Lyon, France) pour son assistance en calcul haute performance. Le Professeur Thomas fut source d'inspiration pour le Groupe GCS ; il nous manque énormément. Autres collaborateurs : Melissa C. Southey, Melbourne, Australie ; Henrik Hjalgrim, Copenhague, Danemark ; Chris Amos, Hanover, Etats-Unis ; Wendy Cozen, Los Angeles, Etats-Unis ; David E. Goldgar, Sean V. Tavtigian, Salt Lake City, Etats-Unis ; Allan Hildesheim, Bethesda, Etats-Unis ; Francesca Damiola, Charles Dumontet, Uzma Hasan, Joel Lachuer, Lyon, France ; Fabienne Lesueur, Paris, France ; Jajah Fachiroh, Dewajani Purnomosari, Yogyakarta, Indonésie ; Beena Devi, Kuching, Malaisie ; Anke van den Berg, Groningue, Pays-Bas ; Ruth Jarrett, Glasgow, Royaume-Uni ; Tam Ha, Singapour ; Suleeporn Sangrajrang, Bangkok, Thaïlande.

**Le Groupe GCS remercie les organismes suivants pour leur contribution financière :**

Association Aide à la recherche en biologie moléculaire, France  
Fondation ARC pour la recherche contre le Cancer, France  
Institut national du Cancer (INCa), France  
La Ligue contre le Cancer Rhône-Alpes, France  
*National Cancer Institute, National Institutes of Health*, Etats-Unis





# GROUPE EPIDEMIOLOGIE GENETIQUE (GEP)

## **Chef**

Dr Paul Brennan

## **Chercheurs**

Dr Devasena Anantharaman  
Dr Estelle Chanudet-van den Brink  
Dr Mattias Johansson  
Dr Ghislaine Scélo

## **Assistants techniques**

Valérie Gaborieau  
Hélène Renard

## **Technicien de laboratoire**

Priscilia Chopard

## **Assistants de projet**

Laurène Bouvard  
Carole Goutorbe  
(jusqu'en avril 2014)

## **Secrétariat**

Charlotte Volatier

## **Chercheurs extérieurs**

Dr Behnoush Abedi-Ardekani  
(jusqu'en janvier 2015)  
Dr Risa Chaisuparat  
(jusqu'en décembre 2014)  
Dr Hooman Khademi Kohnehshahri  
Dr Peng Li

## **Boursiers postdoctoraux**

Dr Robert Carreras Torres  
Dr Corina Lesseur Perez  
Dr David Muller  
(jusqu'en septembre 2015)  
Dr Sandra Perdomo Velasquez  
(jusqu'en novembre 2015)  
Dr Carolina Santamaria Ulloa  
Dr Chanida Vinayanuwattikun  
Dr Cheng Wang  
(jusqu'en mars 2014)  
Dr Magdalena Wozniak  
(jusqu'en octobre 2014)

## **Etudiants**

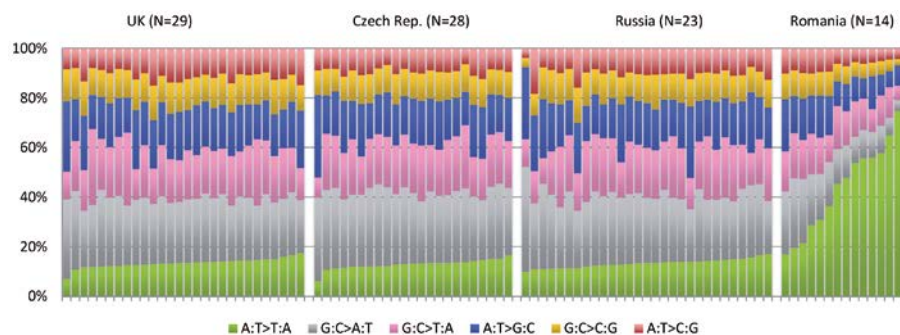
Anouar Fanidi  
(jusqu'en octobre 2015)  
Lise Jacqueroux  
(jusqu'en août 2015)

L'objectif général du Groupe Epidémiologie génétique (GEP) consiste à identifier des variants génétiques de prédisposition à différents types de cancer et à étudier leur interaction avec des facteurs liés à l'environnement. Un autre objectif consiste à élaborer des modèles précis de prédiction du risque, qui tiennent compte à la fois des données démographiques (âge et sexe) et des biomarqueurs (génétiques et non génétiques). Le Groupe GEP s'intéresse particulièrement aux cancers associés à la consommation de tabac et d'alcool, ainsi qu'à des cancers d'incidence modérée (cancers du rein et du pancréas). Il consacre d'importantes ressources au travail sur le terrain, afin de recruter de grandes séries de cas et de témoins, comportant des informations détaillées (questionnaires) et des échantillons biologiques. Généralement, les analyses génétiques débutent par une approche pangénomique, suivie d'études similaires, coordonnées à grande échelle, dans différentes populations. Ce dernier point nécessite la mise en place de consortiums internationaux, dans lesquels le Groupe GEP joue un rôle majeur. Une fois confirmés, les locus de prédisposition sont étudiés plus en détail, grâce à toute une variété de techniques, notamment des études *in silico*, de séquençage et d'expression, souvent réalisées en collaboration avec d'autres Groupes du CIRC. Parallèlement à ces recherches sur les facteurs génétiques, le Groupe GEP poursuit un large éventail d'études impliquant des facteurs non génétiques. C'est le cas par exemple avec l'évaluation de biomarqueurs circulants, tels que les anticorps dirigés contre le virus du papillome humain (VPH) pour les cancers de la tête et du cou, la cotinine pour le cancer du poumon et des biomarqueurs de l'alimentation pour de nombreux cancers. Le Groupe GEP évalue également de façon détaillée les données issues de questionnaires, notamment celles recueillies lors du travail sur le terrain. Quelques travaux marquants de la Section durant ce biennium 2014–2015 sont présentés ci-dessous.

#### GENETIQUE DU CANCER DU REIN

La première phase de l'étude CAGEKID (dans le cadre du Consortium international de génomique du cancer) s'est achevée avec le séquençage pangénomique intégral de l'ADN germlinal de 100 paires

de d'échantillons tumoraux, recueillies au Royaume-Uni et dans le cadre de l'étude du CIRC en Europe centrale. Parmi les premiers résultats importants, citons l'observation inattendue, chez une grande majorité de patients roumains, d'une fréquence élevée de transversions A:T > T:A caractéristique d'une exposition à l'acide aristolochique (Scelo et coll., 2014). Ces résultats montrent que les processus à l'origine du développement du carcinome rénal à cellules claires (CRcc) peuvent varier en fonction de la population et que l'acide aristolochique pourrait être un important facteur de risque de CRcc en Roumanie. Il s'agit là d'une découverte aux conséquences majeures en termes de santé publique (Figure 1).



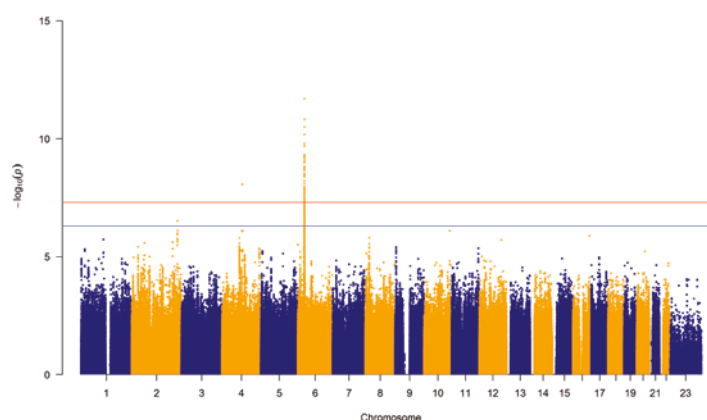
Parallèlement, l'analyse pangénomique de la prédisposition au cancer rénal a été menée à bien dans le cadre d'une vaste étude rassemblant les données génétiques des lignées germinales pour plus de 10 000 cas de cancer du rein et 20 000 témoins. Les premières analyses de ce travail entrepris en collaboration avec le *National Cancer Institute* des Etats-Unis, révèlent de nouveaux loci génétiques pour ce cancer.

ANALYSE PANGENOMIQUE DES CANCERS ASSOCIES A LA CONSOMMATION DE TABAC

#### ANALYSE PANGENOMIQUE DES CANCERS ASSOCIES A LA CONSOMMATION DE TABAC

Le Groupe GEP a coordonné une grande analyse OncoArray sur plus de 7000 cancers de la cavité buccale ou de

Figure 2. Diagramme Manhattan des études d'association pangénomique (GWA) OncoArray sur le cancer oropharyngé. Sur l'axe vertical figurent  $-\log_{10}(\text{valeur-}P)$  pour 7,5 millions de polymorphismes nucléotidiques (SNP), 432 220 sites génotypés (plateforme OncoArray) et 7 099 472 sites imputés. La ligne rouge horizontale représente  $P = 5 \times 10^{-8}$  et la ligne bleue horizontale  $P = 5 \times 10^{-7}$ . Notons un fort signal pangénomique au locus 6p21.32 dans la région MHC (principal SNP, rs3828805 ;  $P = 2,03 \times 10^{-12}$ ). A noter également, un signal pour rs1229984 sur 4q23 ( $P = 8.53 \times 10^{-9}$ ), un locus connu, ainsi qu'un signal suggestif pour rs1961637 sur 2q36.1 ( $P = 3.03 \times 10^{-7}$ ). Les valeurs-p résultent d'une méta-analyse à effet fixe de trois GWA en fonction de la région (Europe, Amérique du Nord et Amérique latine), portant sur 2666 cas et 6585 témoins ; toutes les analyses sont ajustées sur l'âge, le sexe et les vecteurs propres. © CIRC.



l'oropharynx, ainsi que sur un nombre identique de témoins. Un résultat frappant de cette étude révèle le rôle majeur de la région HLA dans le cancer oropharyngé, évocateur d'une interaction importante

avec le VPH (Figure 2). Le Groupe GEP a identifié les loci HLA particuliers, associés aux différentes formes d'expression des anticorps anti-VPH (Chen et coll., 2015). Il a également contribué aux données

d'une grande série de cas pour l'analyse pangénomique des cancers du poumon dont les résultats sont attendus fin 2015.

#### **Le Groupe GEP remercie les personnes suivantes pour leur collaboration :**

Wolfgang Ahrens, Brème, Michael Pawlita, Tim Waterboer, Heidelberg, Klaus Kuhn, Erich Wichmann, Munich, Jerzy Adamski, Melanie Waldenberger, Neuherberg, Allemagne ; Marcelo Fernando Figari, Marta Vilensky, Buenos Aires, Argentine ; Allison Hodge, Melbourne, Gianluca Severi, Victoria, Australie ; Jan-Eric Litton, Kurt Zatloukal, Graz, Autriche ; Gyl Ramos, Curitiba, José Carlos de Oliveira, Goiânia, Marisa Breitenbach, Sergio Koifman, Rio de Janeiro, Marcelo Benedito Menezes, Luis Paulo Kowalski, José Eduardo Levi, Victor Wünsch-Filho, São Paulo, José Roberto Vasconcelos de Podestà, Vitória, Brésil ; Isabelle Fortier, Mark Lathrop, Montréal, Tom Hudson, Rayjean Hung, Mark Minden, Liran Shlush, Toronto, Canada ; Paula Rodriguez, Bogotà, Colombie ; Ozren Polasek, Split, Croatie ; Mads Melbye, Copenhague, Danemark ; Ivo Gut, Barcelone, Espagne ; Andres Metspalu, Tartu, Estonie ; Susan Gapstur, Marji McCullough, Victoria Stevens, Atlanta, Gypsyamber D'Souza, Judith Hoffman-Bolton, Kala Visvanathan, Baltimore, Demetrius Albanes, Neil Caporaso, Stephen Chanock, Aimee Kreimer, Lee Moore, Mark Purdue, Nathaniel Rothman, Stephanie Weinstein, Bethesda, Jiali Han, Aditi Hazra, Jing Ma, Howard Sesso, Meir Stampfer, Boston, Neil Hayes, Chapel Hill, Chris Amos, Hanover, Loïc Le Marchand, Honolulu, Samir Hanash, Houston, Qiuyin Cai, Xiao-Ou Shu, Wei Zheng, Nashville, Alan Arslan, Gloria Ho, Anne Jacquotte, New York, Lesley Butler, Jian Min Yuan, Pittsburgh, Christian Abnet, Chu Chen, Ross Prentice, Jon Wakefield, Seattle, Etats-Unis ; Alexander Boroda, Anush Mukeriya, Egor Prokhortchouk, David Zaridze, Moscou, Fédération de Russie ; Seppo Koskinen, Kari Kuulasmaa, Markus Perola, Veikko Salomaa, Erkki Vartiainen, Helsinki, Finlande ; Maria Paula Curado, Markus Pasterk, Lyon, Olivier Cussenot, Jean-François Deleuze, Marc-Henri Stern, Paris, Emmanuelle Rial-Sebbag, Toulouse, Marcel Goldberg, Marie Zins, Villejuif, France ; Pagona Lagiou, Athènes, Grèce ; Bela Meleg, Pécs, Hongrie ; Rajesh Dikshit, Bombay, Inde ; Claire Healy, Dublin, Irlande ; Frosti Jonsson, Unnur Thorsteinsdottir, Reykjavik, Islande ; Jerry Polesel, Aviano, Lorenzo Simonato, Padua, Stefania Boccia, Rome, Franco Merletti, Turin, Italie ; Janis Klovinis, Riga, Lettonie ; Beena Devi, Kuching, Malaisie ; Gry Kvalheim, Øivind Midttun, Per Magne Ueland, Bergen, Kristian Hveem, Steinar Krokstad, Arnulf Langhammer, Levanger, Kristina Kjaerheim, Per Magnus, Thomas Nilsen, Oslo, Norvège ; Jasper Bovenberg, Aerdenhout, Evert-Ben van Veen, La Hague, Ronald Stolk, Groningue, Gert-Jan van Ommen, Leiden, Piet A. van den Brandt, Maastricht, C.M. van Duijn, Rotterdam, Pays-Bas ; Beata Swiatkowska, Łódź, Jolanta Lissowska, Varsovie, Łukasz Kozera, Wrocław, Pologne ; Reza Malekzadeh, Téhéran, République islamique d'Iran ; Lenka Foretova, Brno, Vladimir Janout, Olomouc, Vladimir Bencko, Ivana Holcatova, Prague, République tchèque ; Ciprian Bolca, Dana Mates, Jinga Viorel, Bucarest, Roumanie ; Tatiana Macfarlane, Aberdeen, Hisham Mehanna, Birmingham, George Davey-Smith, Richard Martin, Andrew Ness, Bristol, Michael Taussig, Cambridge, Philip Haycock, Clifton, David Conway, Glasgow, Alvis Brazma, Aarno Palotie, Hinxton, Rosamonde Banks, Leeds, Paul Burton, Leicester, John Field, Liverpool, Clare Berry, Alissa Goodman, Elio Riboli, Paolo Vineis, Londres, Caroline Relton, Max Robinson, Newcastle, Rory Collins, Oxford, Angus Roberts, Sheffield, Royaume-Uni ; Miodrag Ognjanovic, Simona Ognjanovic, Belgrade, Serbie ; Tam Ha, Singapour ; Eleonora Fabianova, Banska Bystrica, Slovaquie ; Jonas Manjer, Malmö, Lars Egevad, Nancy Pedersen, Alicja Wolk, Stockholm, Kjell Grankvist, Göran Hallmans, Mikael Johansson, Börje Ljungberg, Margaretha Tagewall, Umeå, Ulf Landegren, Lars Lind, Johan Sundström, Uppsala, Suède ; Sulee Sangrajrang, Bangkok, Thaïlande ; Mauricio Cuello, Montevideo, Uruguay.

#### **Le Groupe GEP remercie les organismes suivants pour leur contribution financière :**

Commission européenne, Bruxelles, Belgique  
Ministère des Affaires sociales et de la Santé – Direction générale de la Santé (DGS)  
*National Institutes of Health*, Etats-Unis  
*World Cancer Research Fund*, Londres, Royaume-Uni