



BRANCHE NUTRITION ET METABOLISME (NME)

Chef

D^r Marc Gunter
(jusqu'en janvier 2023)
D^r Pietro Ferrari (par intérim)

Chefs adjoints

D^r Mazda Jenab
D^{re} Sabina Rinaldi

Chercheurs

D^{re} Laure Dossus
D^r Heinz Freisling
D^{re} Inge Huybrechts
D^r Pekka Keski-Rahkonen
D^r Neil Murphy
D^r Augustin Scalbert
(jusqu'en janvier 2022)
D^r Vivian Viallon

Chercheurs extérieurs senior

D^r Marc Gunter
D^r Elio Riboli
(jusqu'en septembre 2022)
D^{re} Guri Skeie

Chercheurs extérieurs

D^{re} Kristin Benjaminsen-Borch
(jusqu'en juin 2022)
D^{re} Sheila Coelho Soares Lima
(jusqu'en juin 2022)
D^{re} Elodie Faure
D^{re} Agnès Fournier
D^r Mohamed Khalis
D^r Tomohiro Matsuda
D^{re} Norie Sawada

Assistants de recherche

D^r David Achaintre
(jusqu'en juin 2022)
M^{me} Carine Biessy
M^{me} Corinne Casagrande
(jusqu'en mars 2023)
M. Bertrand Hémon
M^{me} Vanessa Neveu
M^{me} Geneviève Nicolas
M^{me} Nivonirina Robinot
M^{me} Béatrice Vozar

Techniciens de laboratoire

M^{me} Audrey Gicquiau
(jusqu'en septembre 2022)
M^{me} Anne-Sophie Navionis

Secrétariat

M^{me} Sally Moldan
(jusqu'en février 2023)
M^{me} Karine Racinoux
M^{me} Sarah Sherwood
M^{me} Tracy Wootton
M^{me} Karina Zaluski

Boursiers postdoctoraux

D^r Adam Amara
(jusqu'en décembre 2022)
D^{re} Jessica Blanco Lopez
D^r Felix Boekstegers
D^{re} Manon Cairat
(jusqu'en juillet 2022)
D^{re} Chrysovalantou Chatziioannou
(jusqu'en août 2023)
D^{re} Emeline Courtois
D^{re} Charlotte Debras
(jusqu'en septembre 2023)
D^{re} Niki Dimou
D^{re} Esther Gonzalez Gil
D^{re} Rhea Harewood
D^{re} Mathilde His
(jusqu'en décembre 2022)
D^{re} Inarie Jacobs
D^{re} Rola Jaafar
D^{re} Anna Jansana Riera
D^{re} Ruhina Laskar
(jusqu'en septembre 2023)
D^r Matthew Lee
D^r Azam Majidi
D^{re} Shiny Lizia Manohar
D^r Komodo Matta
D^{re} Ana-Lucia Mayen-Chacon
(jusqu'en septembre 2022)
D^{re} Mira Merdas
D^r Yahya Mahamat Saleh
D^{re} Sabine Naudin
D^r Nikolaos Papadimitriou
D^{re} Jodi Rattner
(jusqu'en juin 2023)
D^{re} Martina Recalde
(jusqu'en juillet 2022)
D^{re} Sanam Shah
D^r Daniel Tolossa
D^{re} Sabrina Wang
D^r James Yarmolinsky
(jusqu'en mai 2022)

Doctorants

M^{me} Inmaculada Aguilero
(jusqu'en mai 2023)
M^{me} Aline Al Nahas
M. Christian Antoniussen
(jusqu'en août 2023)
M. Jeroen Berden
M^{me} Marie Breur
M^{me} Carlota Castro-Espin
(jusqu'en juin 2023)
M. Alberto Catalano
(jusqu'en juin 2023)
M^{me} Bernadette Chimera
M^{me} Emma Fontvieille
M. Quan Gan
M^{me} Emine Koc Camak
(jusqu'en novembre 2023)
M^{me} Kim Maasen
(jusqu'en juin 2022)
M^{me} Alessandra Macciotta
(jusqu'en juin 2023)
M. Pablo Marcos Lopez
(jusqu'en janvier 2023)
M^{me} Maria Matias de Pinho
(jusqu'en juillet 2022)
M^{me} Fernanda Morales Berstein
(jusqu'en mai 2022)
M^{me} Julie Neau
(jusqu'en novembre 2022)
M^{me} Laia Peruchet-Noray
M^{me} Martina Recalde
(jusqu'en juin 2022)
M^{me} Fanélie Vasson
M^{me} Diana Wu
M^{me} Yuhan Zhang
(jusqu'en août 2023)
M^{me} Yadi Zheng

Stagiaires

M. Loïc Abed
(jusqu'en juillet 2022)
M. Pablo Marcos Lopez
(jusqu'en juillet 2022)
M^{me} Fanélie Vasson
(jusqu'en août 2023)
M. Maxime Vincent
(jusqu'en mars 2022)
M. Wendyam Yameogo
(jusqu'en août 2023)
M^{me} Julie Neau
(jusqu'en août 2022)

La Branche Nutrition et métabolisme (NME) concentre ses activités sur la mise en œuvre et la coordination d'études épidémiologiques pour identifier des liens de causalité entre nutrition, facteurs métaboliques et cancer, et apporter ainsi des éléments concrets permettant de renseigner les politiques de prévention du cancer. Dans ce but, ses recherches s'articulent autour de trois grands thèmes : i) comprendre le rôle de l'obésité et des troubles métaboliques dans la cancérogenèse ; ii) élucider le rôle de l'alimentation et des facteurs liés au mode de vie dans la survenue du cancer, avec notamment l'identification de biomarqueurs alimentaires et nutritionnels et leur application aux études sur l'étiologie du cancer, et iii) étudier les déterminants de la multimorbidité et les mécanismes biologiques communs au cancer, au diabète et aux maladies cardiovasculaires.

La Branche NME exploite pleinement les avancées méthodologiques en matière de techniques de profilage moléculaire, d'épidémiologie et de biostatistiques pour établir un programme de recherche intégrée et pluridisciplinaire. En effet, les progrès en matière de profilage moléculaire permettent aujourd'hui de surmonter les difficultés méthodologiques rencontrées dans le domaine de la recherche sur nutrition et cancer et d'identifier les mécanismes biologiques impliqués. En conséquence, la Branche NME s'attache à centrer ses activités sur des études d'épidémiologie moléculaire intégrant les données issues de différentes approches « omiques » (métabolomique, dosage d'hormones et génomique), réalisées dans le cadre d'études de cohorte en population et d'études d'intervention (voir encadré). Parallèlement à ses travaux exploitant les ressources de la *UK Biobank* et de cohortes bien établies comme l'Etude prospective européenne sur le cancer et la nutrition (EPIC) ou dans le cadre de consortiums de cohortes, la Branche NME consacre également d'importantes ressources à la réalisation d'études dans les pays à revenu faible et intermédiaire, tels que l'Afrique du Sud, le Maroc et des pays d'Amérique latine où, en raison de la transition épidémiologique, l'incidence des cancers associés à l'alimentation et au mode de vie augmente. Au cours des cinq dernières années,

elle a également entrepris des études d'intervention à petite échelle, visant essentiellement à identifier des biomarqueurs ou à comprendre les mécanismes qui sous-tendent les liens entre obésité, alimentation et cancer.

Intrinsèquement pluridisciplinaires, les études de la Branche NME impliquent généralement des collaborations avec de nombreux partenaires. Les travaux de recherche s'organisent autour de six équipes dont les principales réalisations sont présentées ci-dessous.

EQUIPE BIostatISTIQUE ET INTEGRATION DES DONNEES (BDI)

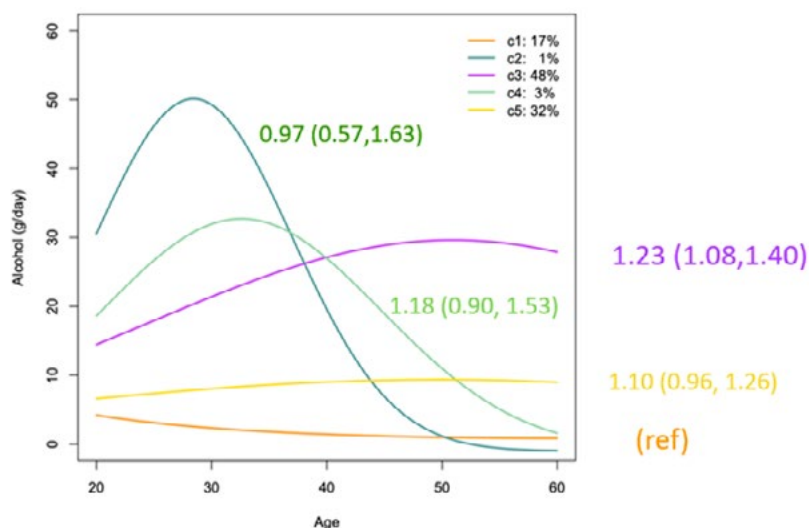
Les données constituent la matière première des études en épidémiologie du cancer. Par conséquent, leur gestion, notamment leur centralisation, leur harmonisation, leur diffusion et leur analyse grâce à l'application de méthodes statistiques de pointe, sont essentielles. Au cours de l'exercice biennal 2022–2023, l'équipe BDI a poursuivi la centralisation et l'harmonisation des données de laboratoire obtenues au sein de l'étude EPIC. L'équipe s'est également chargée de diffuser les données d'EPIC et de projets de grande envergure récemment financés, tels que DISCERN (*Discovering the Causes of Three Poorly Understood Cancers in Europe*) et PROMINENT (*Discovering the molecular signatures of cancer PROMotion*

to *INform prevENTION*), co-dirigés par la Branche Epidémiologie génomique (GEM). Conformément aux réglementations internationales pour la protection des données, la diffusion des données et leur analyse sont réalisées en toute transparence via la plateforme informatique scientifique du CIRC, développée par l'équipe du Service des technologies de l'information (ITS) dans le respect du principe de science ouverte, selon lequel les données doivent être « aussi accessibles que possible et aussi protégées que nécessaire ».

L'équipe BDI a également réalisé des développements méthodologiques pour évaluer et améliorer la performance de plusieurs techniques d'analyse statistique, avec notamment des extensions des méthodes lasso et de réduction des dimensions, très utiles pour l'analyse des données « omiques » en épidémiologie du cancer (Etiévant et Viallon, 2022a ; Ballout et coll., 2023). Une analyse de lasso sur des données partagées, relatives aux concentrations sanguines de métabolites pré-diagnostic dans plusieurs études cas-témoin, a ainsi permis d'identifier neuf métabolites associés au risque de cancer en différentes localisations (Breeur et coll., 2022).

Tirant parti des évaluations d'exposition à long terme, disponibles au sein de l'étude EPIC, l'équipe BDI a entrepris un programme de recherche pour

Figure 1. Profils de la consommation d'alcool (c1 à c5) tout au long de la vie adulte dans la population masculine de l'Etude prospective européenne sur le cancer et la nutrition (EPIC) et estimations associées du risque relatif (intervalle de confiance à 95 %) pour le cancer colorectal. Reproduit d'après Mayén et coll. (2022), © 2022, Springer Nature.



étudier l'impact des modifications de facteurs liés au mode de vie sur le risque de cancer et la mortalité associée. Il a ainsi été observé que l'indice d'adhésion au mode de vie sain — score composite, calculé d'après la consommation d'alcool et de tabac, l'obésité et l'activité physique — était inversement associé au risque de cancer colorectal (Botteri et coll., 2023), au risque de cancers liés au mode de vie et à la mortalité toutes causes confondues. Par ailleurs, les profils de consommation d'alcool au début et au cours de l'âge adulte ont montré une association positive entre le cancer colorectal et des consommations d'alcool modérées à élevées, constantes tout au long de la vie d'adulte (Mayén et coll., 2022) (Figure 1).

EQUIPE EXPOSITION ASSOCIEE AU MODE DE VIE ET INTERVENTIONS (LEI)

L'équipe LEI a développé et validé de nouveaux indicateurs alimentaires et de mode de vie dans des études de cohorte, permettant ainsi l'examen de nouvelles associations alimentation-cancer. Elle a notamment compilé les bases de données sur les isomères d'acides gras des produits alimentaires

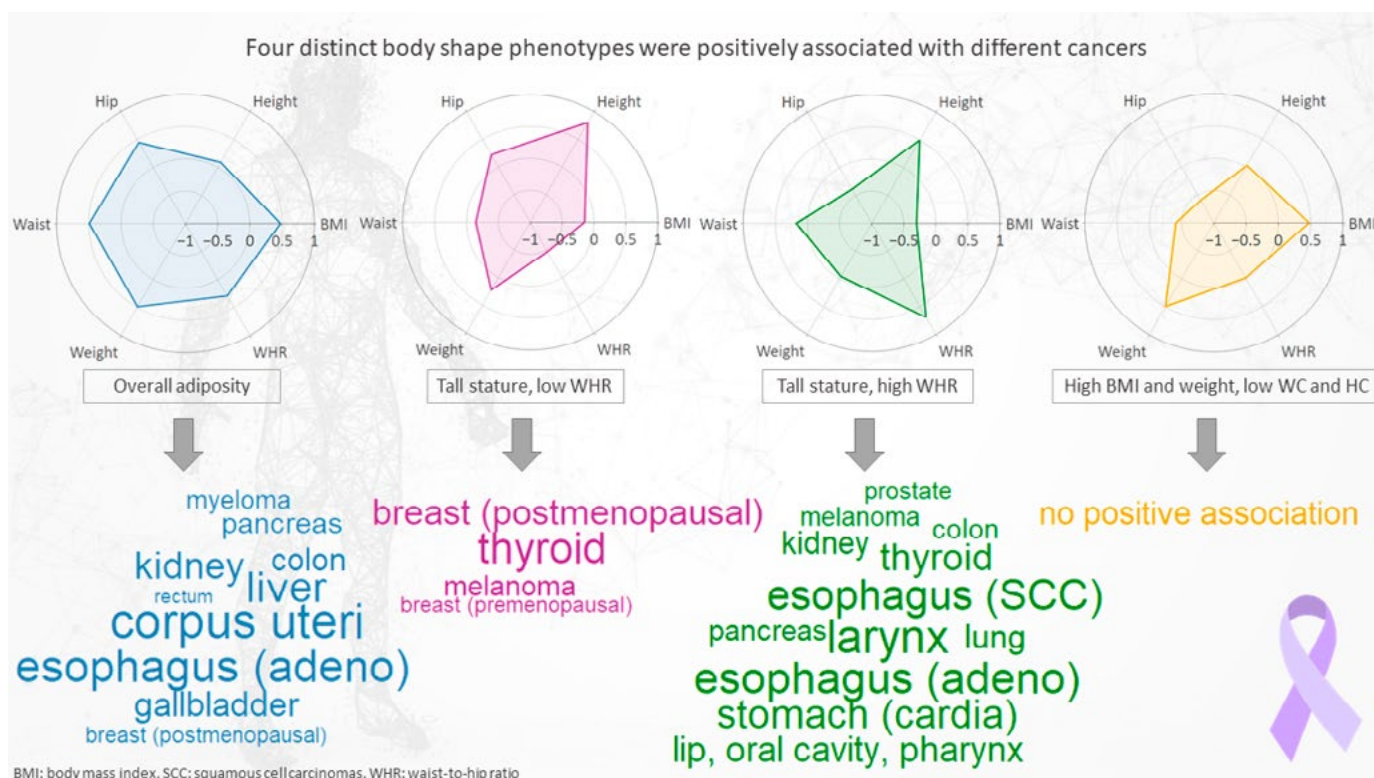
à partir d'études de cohorte et d'études cas-témoin (Huybrechts et coll., 2022). L'analyse de ces ensembles de données a montré une association positive des isomères d'acides gras et des acides gras trans industriels avec le risque de cancer colorectal dans l'étude IROPICAN (*Iran Opium and Cancer*) (Seyedsalehi et coll., 2022a, 2022b) et la cohorte NutriNet-Santé (Wendeu-Foyet et coll., 2023). L'équipe LEI a également étudié le lien entre la consommation d'aliments transformés et le risque de cancer via la classification NOVA. Les résultats obtenus avec les données de l'étude EPIC ont montré que la consommation d'aliments frais ou peu transformés était inversement associée au risque global de cancer, tandis que la consommation d'aliments transformés ou ultra-transformés était positivement associée au risque pour plusieurs types de cancer (Kliemann et coll., 2023).

En collaboration avec les chercheurs de l'Equipe Hormones et métabolisme (HorM), l'équipe LEI a évalué le rôle de la transformation des produits alimentaires dans l'étiologie du cancer du sein dans des pays en transition épidémiologique. Les résultats de l'étude PRECAMA en

Amérique latine (525 cas-témoins appariés) ont montré que la consommation de produits ultra-transformés pourrait être liée au risque de cancer du sein chez les jeunes femmes (Romieu et coll., 2022). Les résultats d'une autre étude chez les femmes de couleur de Soweto, en Afrique du Sud (étude SABC pour *South Africa Breast Cancer*) (396 cas-témoins appariés), ont montré que la consommation d'aliments peu ou non transformés pourrait réduire le risque de cancer du sein (Jacobs et coll., 2022a). La transformation des aliments serait donc susceptible de jouer un rôle dans l'étiologie du cancer du sein chez ces populations. De la même façon, une étude conduite au Maroc a montré une association positive de la consommation d'aliments ultra-transformés avec le risque de cancer colorectal (El Kinany et coll., 2022).

L'équipe LEI a également conçu une étude d'intervention sur le mode de vie après la coloscopie (LIFE-SCREEN) chez les participants au programme français de dépistage du cancer colorectal (*ClinicalTrials.gov identifier: NCT05273931*). Il s'agit d'un essai randomisé à deux bras impliquant 30 hôpitaux

Figure 2. Associations du risque de cancer avec quatre différents phénotypes morphologiques identifiés dans le cadre de l'Etude prospective européenne sur le cancer et la nutrition (EPIC). Reproduit d'après Sedlmeier et coll. (2023). © 2023, Sedlmeier et coll.



(15 pour le bras témoin et 15 pour le bras d'intervention) avec le recrutement de 20 participants dans chaque hôpital.

EQUIPE NUTRITION, CANCER ET MULTIMORBIDITE (NCM)

Dans le cadre d'une vaste étude prospective sur 2 645 885 individus catalans, exploitant la base de données issue des dossiers médicaux du système d'information pour la recherche en soins primaires (SIDAP), l'équipe NCM a étudié l'indice de masse corporelle (IMC) des participants tout au long de leur vie. Les résultats ont montré que des indicateurs anthropométriques — l'importance, la durée et l'âge d'apparition de la surcharge pondérale et de l'obésité — étaient étroitement liés à 18 types de cancer, soit cinq de plus qu'initialement attendus. Il s'agit notamment de leucémies, de lymphomes non hodgkiniens et de cancers de la vessie, en particulier chez des non-fumeurs (Recalde et coll., 2023a).

Pour étudier le rôle de l'anthropométrie de façon plus approfondie, au-delà de l'IMC, l'équipe NCM a utilisé une technique de réduction des dimensions de séries multivariées pour déterminer les morphologies des participants à partir de la taille, du poids, de l'IMC, du tour de taille, du tour de hanches et du rapport taille-hanche. Quatre morphologies distinctes ont ainsi été identifiées, qui tiennent compte de la répartition hétérogène de l'adiposité par rapport à des caractères anthropométriques isolés. Une étude nichée dans la cohorte EPIC, portant sur 340 152 hommes et femmes originaires de neuf pays européens, a montré une association positive de ces quatre morphologies avec le risque de cancer toutes localisations confondues et avec le risque de 17 cancers spécifiques (Sedlmeier et coll., 2023) (Figure 2). Des associations ont été observées entre des variants génétiques, liés à ces morphologies, et le risque de cancer du sein (Peruchet-Noray et coll., 2023). Dans une étude portant sur 159 045 adultes européens, dont 1045 cas de cancer colorectal et 1620 cas de cancer du sein, les taux de survie étaient directement liés à l'IMC et aux maladies cardio-métaboliques, indépendamment l'un de l'autre (Kohls et coll., 2022).

EQUIPE EPIDEMIOLOGIE METABOLIQUE (MET)

L'Equipe MET a réalisé des études basées sur l'exploitation des données de marqueurs génétiques et tumoraux pour étudier les associations entre corpulence, diabète et cancer colorectal. Une méta-analyse observationnelle, incluant plus de 11 000 cas de cancer colorectal accompagnés de données sur les marqueurs moléculaires tumoraux, a montré une association positive entre l'IMC et le risque de cancer colorectal de types 1 à 4 selon la classification Jass, mais pas pour le risque de cancer colorectal de type 5 (considéré comme familial/syndrome de Lynch) (Murphy et coll., 2023) (Figure 3). L'absence d'association avec le type 5 suggère que l'IMC n'est pas un facteur de risque du cancer colorectal chez les individus ayant un syndrome de Lynch.

La randomisation mendélienne a permis de distinguer les effets de l'adiposité dès le plus jeune âge et à un âge avancé sur le risque de cancer colorectal (Papadimitriou et coll., 2023). Il est estimé que la corpulence prédite génétiquement en début de vie augmentait les probabilités de cancer colorectal. Toutefois, après prise en compte de la corpulence adulte en utilisant la randomisation mendélienne multivariable, les effets de la corpulence en début de vie étaient atténués vers des valeurs proches de zéro. L'influence de la

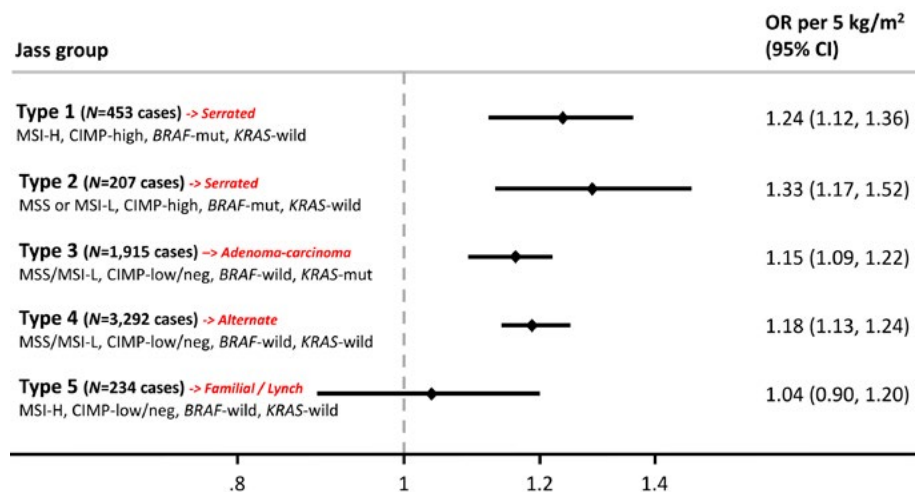
corpulence en début de vie sur le risque de cancer colorectal serait donc largement conditionnée par la corpulence à un âge avancé.

Les résultats d'une analyse de l'interaction gène-environnement à l'échelle du génome (GxE), incluant 31 318 cas de cancer colorectal et 41 499 témoins, ont montré l'existence d'une interaction notable entre le diabète et les variants rs3802177 dans *SLC30A8* (gène régulant la phosphorylation du récepteur de l'insuline et l'activité phosphatidylinositol 3-kinase [PI3K]) et rs9526201 dans *LRCH1* (gène régulant la migration des cellules T), avec le risque de cancer colorectal (Dimou et coll., 2023). Des variations dans les gènes liés aux voies de signalisation de l'insuline et à la réponse immunitaire pourraient donc modifier la relation entre le diabète et le cancer colorectal.

EQUIPE HORMONES ET METABOLISME (HORM)

L'Equipe HorM a étudié les associations de biomarqueurs inflammatoires avec le risque de cancer du sein chez des participantes aux études EPIC (1600 paires cas-témoin) et PRECAMA (sous-types moléculaires du cancer du sein préménopausique chez les femmes latino-américaines : 453 paires cas-témoin). L'équipe a réalisé le dosage des biomarqueurs inflammatoires. Dans l'étude EPIC, les taux de leptine,

Figure 3. Etude observationnelle des associations entre l'indice de masse corporelle, la classification Jass et les voies supposées de la cancérogenèse colorectale (en rouge). CI : intervalle de confiance ; OR : rapports de cotes (odds ratio). © CIRC.



le rapport leptine/adiponectine et les taux de protéine C réactive (CRP) étaient à la fois inversement associés au risque de cancer du sein chez les femmes préménopausées et positivement associés au risque de cancer du sein chez les femmes postménopausées (Cairat et coll., 2022). Dans l'étude PRECAMA, les taux d'interleukine 6 (IL-6) et du facteur de nécrose tumorale alpha (TNF- α) étaient positivement associés au risque de cancer du sein global, avec toutefois une certaine hétérogénéité selon le statut pour le récepteur à œstrogène et selon la taille de la tumeur (Fontvieille et coll., 2022) (Figure 4). Selon ces résultats, l'inflammation systémique pourrait jouer un rôle modeste dans la cancérogenèse du sein.

EQUIPE ONCO-METABOLOMIQUE (OMB)

Tirant parti de l'expertise acquise au sein des laboratoires de la Branche NME en matière de profilage haut débit d'échantillons biologiques provenant d'études en population, les travaux de l'Equipe OMB indiquent que des signatures métaboliques témoignant de l'adhésion aux recommandations du *World Cancer Research Fund/American Institute for Cancer Research* (WCRF/AICR) sont inversement associées au risque de cancer colorectal dans l'étude EPIC (Rothwell et coll., 2022b). Ces résultats montrent l'intérêt du profilage métabolique pour stratifier le risque. Par ailleurs, le syndrome métabolique, marqueur d'une mauvaise santé métabolique, était positivement associé au risque de cancers gastrointestinaux (Rothwell et coll., 2022a). Une étude métabolomique sur l'obésité en début de vie, facteur de risque candidat pour plusieurs types de cancer, s'est intéressée à l'effet médiateur des métabolites dosés dans le sang de cordon, associés à différentes expositions prénatales, sur la croissance postnatale et la propension à la surcharge pondérale chez l'enfant (Alfano et coll., 2022). Les résultats suggèrent un rôle médiateur de la cholestérol, catabolite microbien du cholestérol, dans la relation entre les expositions maternelles et la croissance postnatale.

Les résultats d'une étude cas-témoin nichée dans EPIC ont montré une association positive entre des taux sanguins

plus élevés en acides biliaires, notamment en acides biliaires conjugués à la taurine et à la choline, et le risque de carcinome hépatocellulaire, suggérant un rôle du métabolisme des acides biliaires et de la fonction hépatique dans ce type de cancer (Stepien et coll., 2022).

Dans une étude sur les effets métaboliques du traitement à la metformine par rapport au placebo, chez 373 survivantes au cancer du sein obèses ou en surcharge pondérale, choisies de façon

aléatoire (Bellerba et coll., 2022), la metformine provoquait une augmentation des taux d'acides aminés ramifiés, de proline, de 3-méthyl-2-oxovalérate, de 4-méthyl-2-oxovalérate, d'alanine et d'indoxyl sulfate, et une diminution des taux de phosphatidylcholines insaturés à longue chaîne, entre autres (Bellerba et coll., 2022) (Figure 5). Les chercheurs de l'équipe OMB ont rédigé un article sur le rôle du microbiome intestinal et de ses métabolites dans la survenue du cancer hépatobiliaire.

Figure 4. Associations entre des biomarqueurs de l'inflammation et le cancer du sein, en fonction du statut des récepteurs d'œstrogènes (ER) et dans les tumeurs triple-négatives (TN). Les rapports de risque (OR : odds ratios) sont exprimés par écart-type (SD pour standard deviation) de l'augmentation de la concentration en biomarqueur, transformée en logarithme. P-homogeneity ER compare les tumeurs ER-négatives et les tumeurs ER-positives. P-homogeneity TN compare les tumeurs TN et non-TN. CI : intervalle de confiance ; IFN : interféron ; IL : interleukine ; TNF : facteur de nécrose tumorale. Reproduit d'après Fontvieille et coll. (2022). © 2022, Fontvieille et coll.

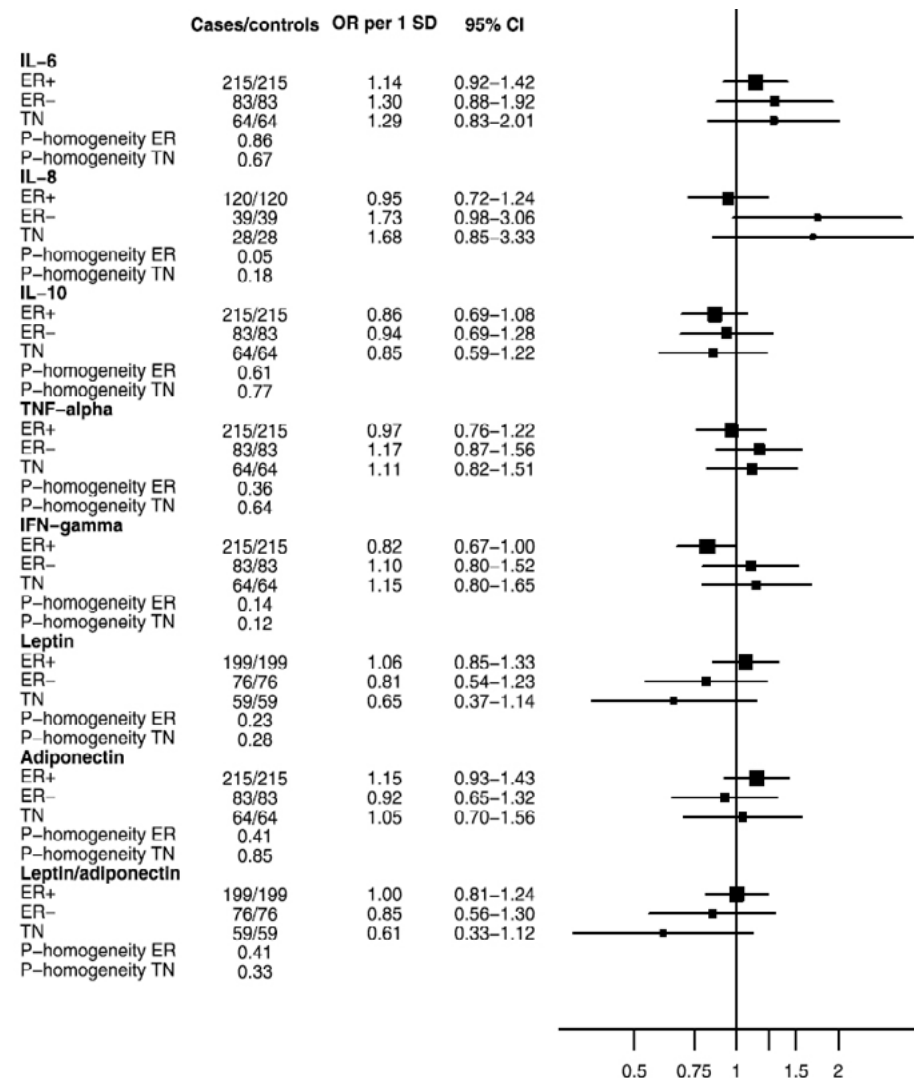
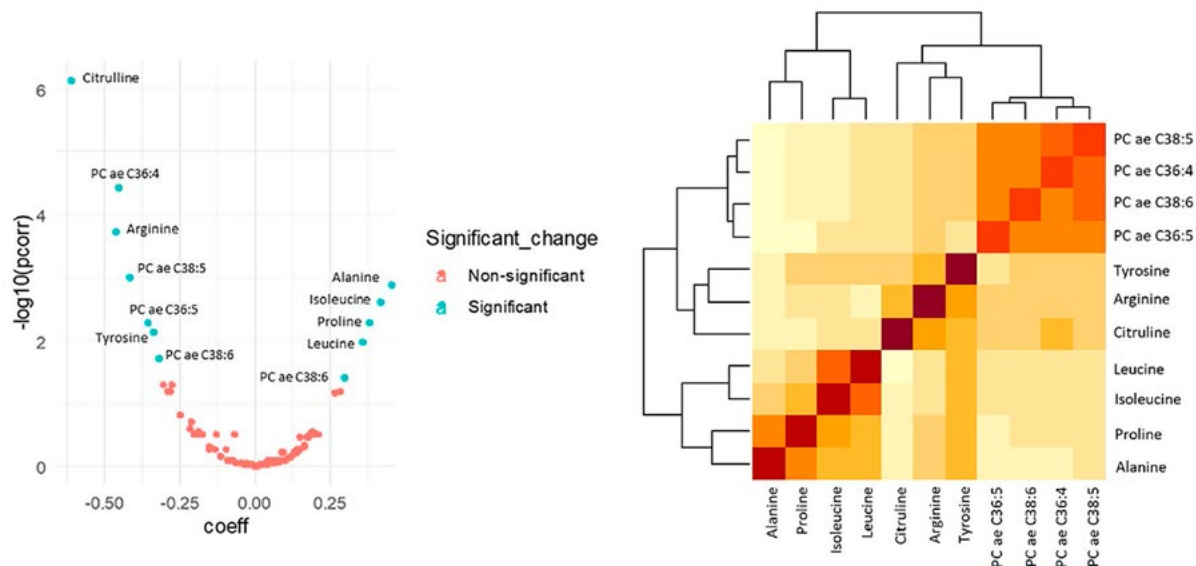


Figure 5. Un diagramme en volcan (à gauche) et une heatmap (carte thermique à droite) présentent les modifications de concentrations en métabolites plasmatiques après traitement par metformine chez des survivantes au cancer du sein souffrant de surcharge pondérale ou d'obésité (Biocrates AbsoluteIDQ p180 pour la métabolomique ciblée ; n = 194 metformine, n = 197 placebo). Le diagramme en volcan indique les coefficients de régression beta de l'effet de traitement en abscisse et les valeurs P ($-\log_{10}$) corrigées du taux de détection de faux positifs (FDR) en ordonnée. PC : phosphatidylcholine. Reproduit d'après Bellerba et coll. (2022). © 2022, Bellerba et coll.



RECHERCHES EN LABORATOIRE DE LA BRANCHE NME

Ces dernières années, les laboratoires de la Branche NME ont fortement investi en matière de capacités méthodologiques et technologiques. Ils ont ainsi pu appliquer avec efficacité les techniques de profilage biochimique les plus récentes sur un grand nombre d'échantillons biologiques provenant d'études de cohorte, d'études cas-témoin et d'études d'intervention. Ils disposent en effet d'instruments analytiques de pointe, avec notamment quatre systèmes de spectrométrie de masse par chromatographie en phase liquide (SCIEX QTRAP 5500, Triple Quadrupole 4500, Agilent Q-TOF 6550 et Thermo Q Exactive), tous couplés à des chromatographes en phase liquide ultra-haute performance, à un lecteur d'électrochimiluminescence multiplexe (Meso Scale Discovery), à deux chromatographes en phase gazeuse avec détecteurs à ionisation de flamme (FID) (Agilent) et, tout récemment, avec l'instrument Signature Q100 de Olink pour l'analyse protéomique ciblée. Des systèmes automatisés de distribution et de manipulation des liquides permettent de réduire les temps de préparation des échantillons pour les applications aux projets de grande envergure. Ces applications englobent l'analyse métabolomique ciblée et non ciblée (kit Biocrates AbsoluteIDQ p180), les dosages d'hormones (notamment les stéroïdes sexuels), de biomarqueurs inflammatoires, d'acides gras et de polyphénols, principalement dans des échantillons de plasma, de sérum et d'urine. Au cours de l'exercice 2022–2023, près de 20 000 échantillons provenant de plus d'une vingtaine de pays, ont été analysés, offrant ainsi de formidables opportunités de collaborations scientifiques avec plusieurs partenaires locaux et internationaux.

Les laboratoires de la Branche NME ont été équipés pour répondre aux besoins des études épidémiologiques. Les chercheurs ont élaboré des méthodes analytiques spécifiques pour être rapides et applicables à de grandes séries d'échantillons et sur de faibles volumes d'échantillons dans la mesure où les biobanques hébergent des échantillons au volume souvent limité. Grâce à la spécificité de ses laboratoires, la Branche NME travaille avec de nombreux collaborateurs et participe à des projets dans le monde entier. © CIRC. Bâtiment : © Kevin Buy.

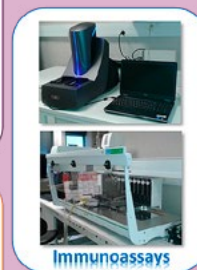
EPIC, SABC, PRECAMA, EDMSAR, JPHC, MCCS, CPS-II, ATBC, MetaboCCC, MetBreCS, MetaboLung, MetaCRCCMeta, Exposomics...



Biobanks

NME laboratories

Mass spectrometry



Immunoassays



Gas chromatography



Proteomics