Présentations des activités et perspectives à court terme sur Besançon

Alexis OVERS

10-09-2025

CHU Minjoz

Plateforme de biomol
- NGS miseq x2
- PCR digital Stilla
- *Nanopore à venir en 2026*

- Unité de bioinformatique

UMR1098 - RIGHT

- Plateforme EpigenXP
- PCR digital Biorad QX200
- Expertise en épigénétique
- Modification d’histone
- Methylation de l’ADN

Plateforme de biomol

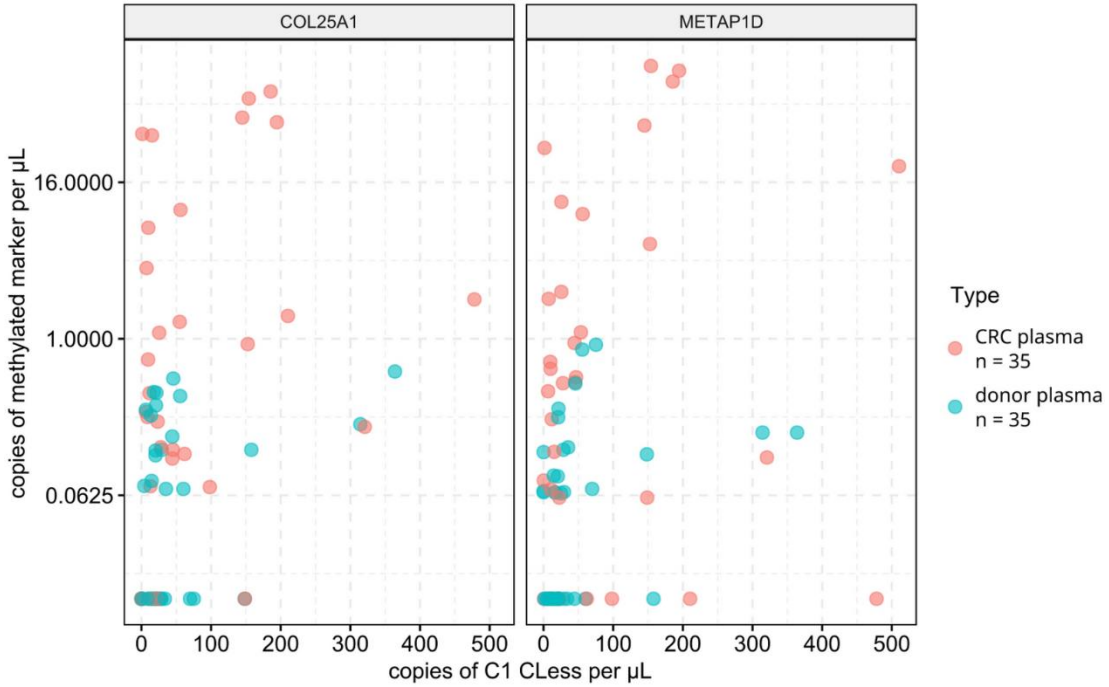
Research | Open access | Published: 18 October 2024

COL25A1 and METAP1D DNA methylation are promising liquid biopsy epigenetic biomarkers of colorectal cancer using digital PCR

Alexis Overs, Paul Peixoto, Eric Hervouet, Chloé Molimard, Franck Monnien, Jules Durand, Michael Guittaut, Angélique Vienot, Julien Viot, Michael Herfs, Christophe Borg, Jean-Paul Feugeas & Zohair Selmani

Clinical Epigenetics **16**, Article number: 146 (2024) | Cite this article

1838 Accesses | **3** Citations | Metrics



Validation de biomarqueurs 5mC sur la ddPCR Stilla et Biorad

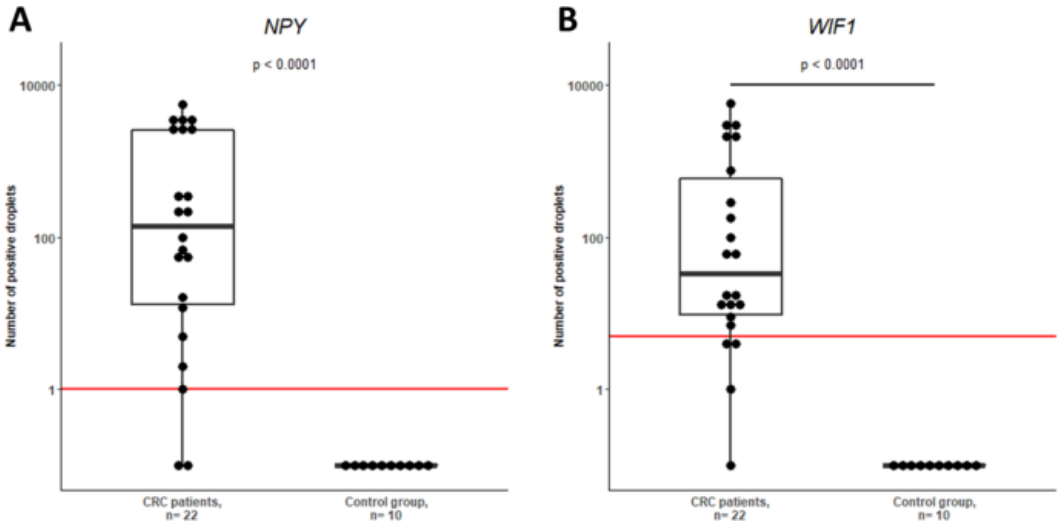
Research | Open access | Published: 10 October 2021

The detection of specific hypermethylated *WIF1* and *NPY* genes in circulating DNA by crystal digital PCR™ is a powerful new tool for colorectal cancer diagnosis and screening

Alexis Overs, Mylène Flammang, Eric Hervouet, Laurent Bermont, Jean-Luc Pretet, Borg Christophe & Zohair Selmani

BMC Cancer **21**, Article number: 1092 (2021) | Cite this article

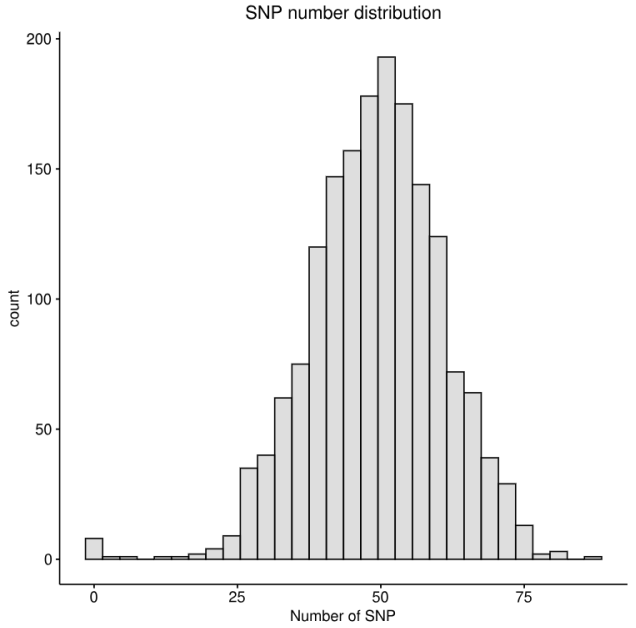
2956 Accesses | **10** Citations | **1** Altmetric | Metrics

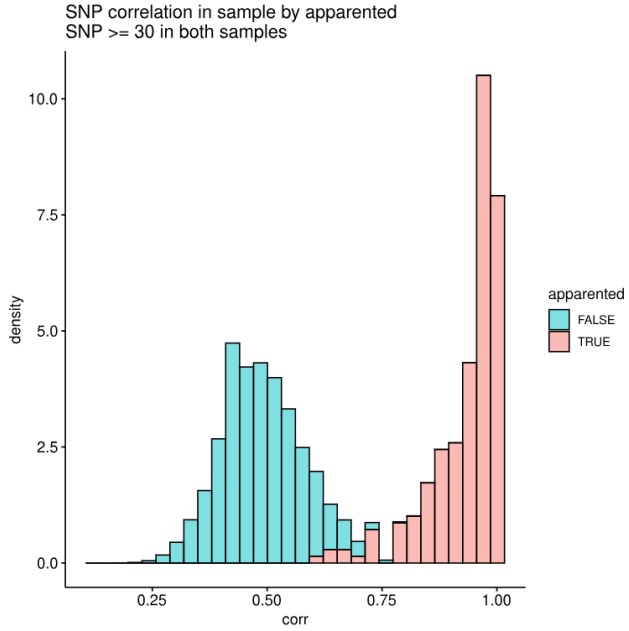


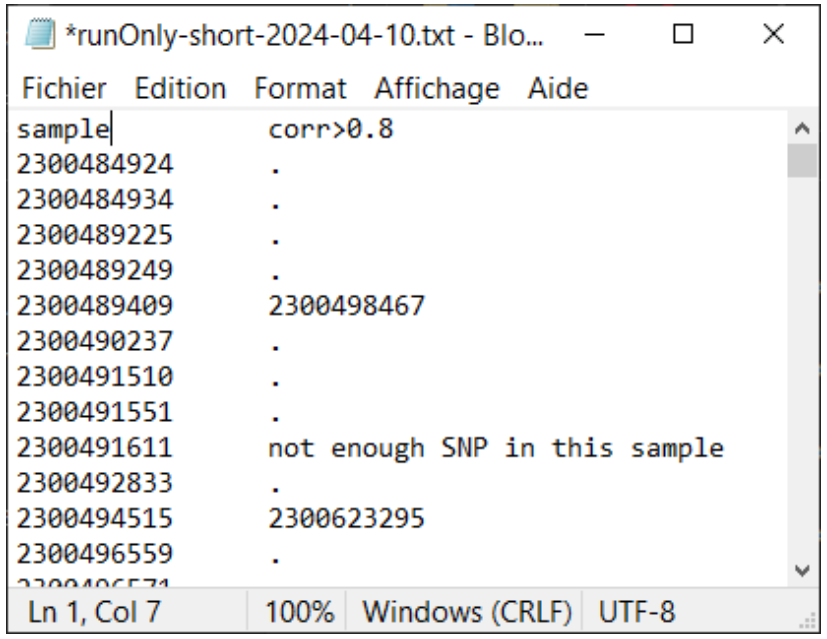
Unité de bioinfo

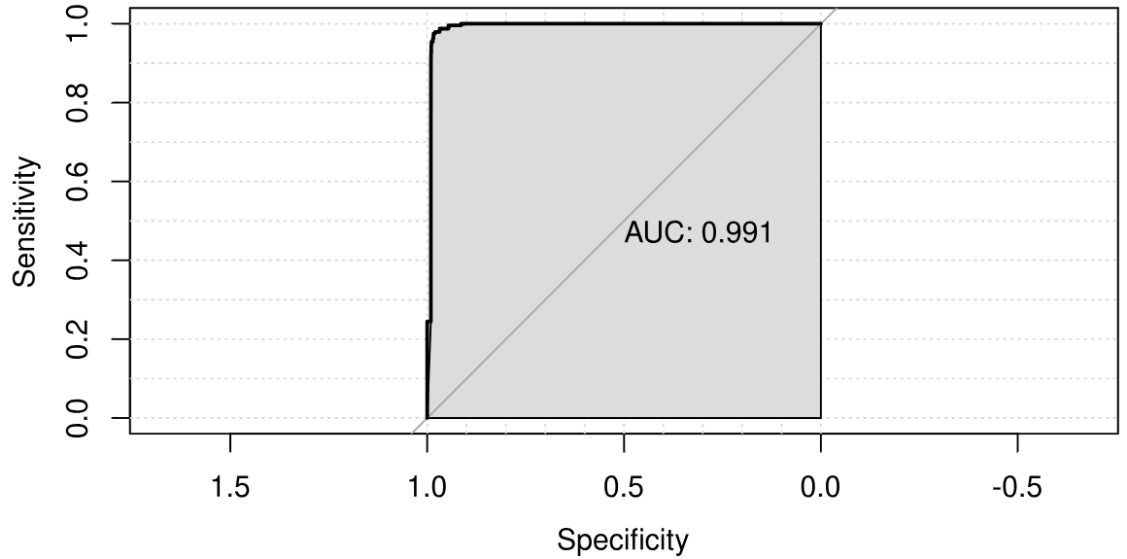
Utilisation des SNP pour l'identito-vigilance

Surtout utile pour le suivis des patients







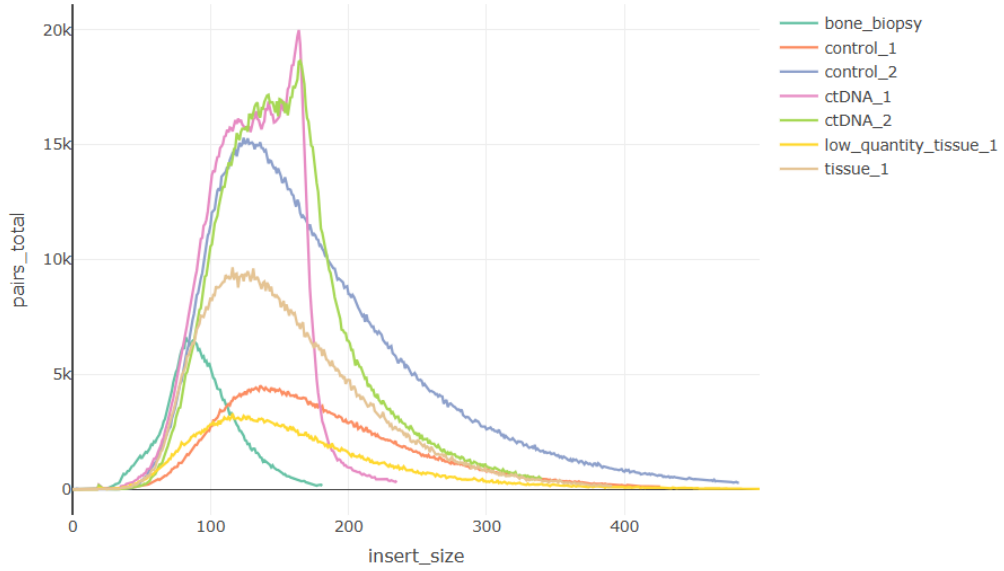


Unité de bioinfo

Contrôle de la fragmentation après séquençage

Taille des fragments

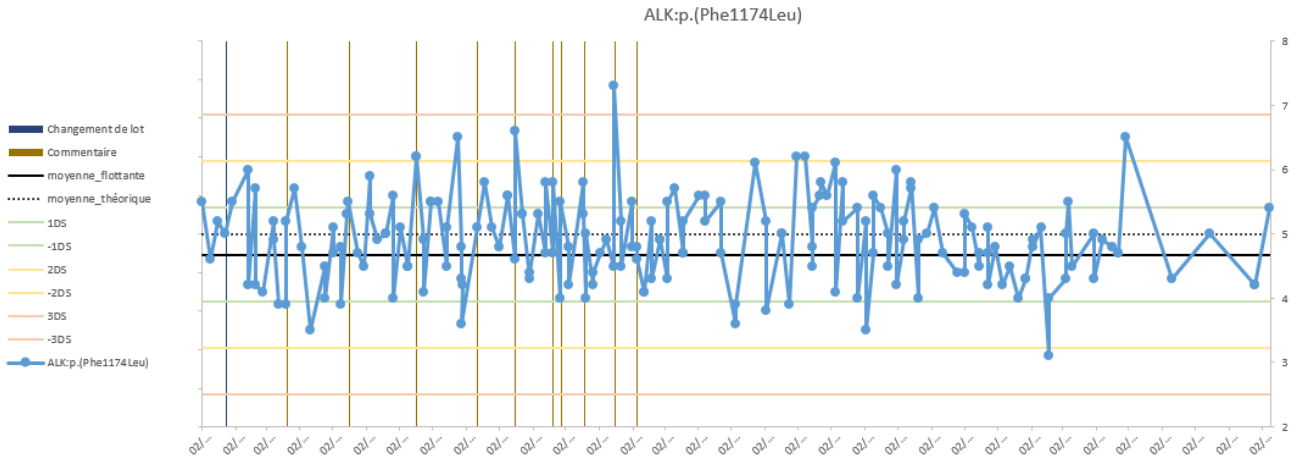
La taille des inserts est récupérée à partir de "samtools stats"



Suivis des contrôles

Récupérer variants HD729

					Fichier_chemin_complet	des_controles\va	des_controles\va	manuellement	des_controles\va	is_des_controles	des_controles\va	uivis_des_controli	_des_controles\va
					Fichier_nom	729-63538-1-CF-D-variant-list20250422.csv	729-63538-1-CQ-D-variant-list20250422.csv	729-63538-2CQ-D_S24.tsv	DH729_Seraseq-variant-list20250610.csv	15-07-25 Controle-CF-variant-list.csv	729-63538-2CF-D-variant-list 20250825.csv	controle-2CF-D-variant-list.csv	CONTROLE-variant-list_2025_09_08.csv
					Technicien	CF	CQ	CQ	CF	CF	Lma	CF	CF
					Miseq	1	1	2	2		2	2	1
					N°Lot CIQ	63538	63538	63538	63538		63538	63538	63538
					Série (date)	22/04/2025	22/04/2025	29/04/2025	10/06/2025	15/07/2025	25/08/2025	25/08/2025	08/09/2025
					CIQ Accepté	oui	oui	oui	oui	oui	oui	oui	oui
					Validateur	IP JLP	JLP/IP	AO	AO MN	AO MN	zs	MN	AO MN
					Date de validation	22/04/2025	22/04/2025	29/04/2025	10/06/2025	15/07/2025	25/08/2025	25/08/2025	08/09/2025
					Changement de lot				Pool HD729 / seraseq				
			Lot 52976	Lot 52976		Commentaire			Contrôle validé avec un pipeline interne				
Gene	Variant	FA attendue	Moyenne	Ecart-type	CV	Gene							
ALK	p.(Phe1174Leu)	5	4,7	0,73	15,5	ALK	4,7	4,7	6,5	4,3	5	4,2	4,2	5,4
BRAF	p.(Val600Glu)	7,7	7,2	0,83	11,6	BRAF	7,9	8,4	8,5	8,9	6,9	7,8	7,8	8,3
BRAF	p.(Val600Gly)	3,8	3,6	0,50	14,0	BRAF	3,5	4,5	5,1	4,2	4,3	3,5	3,5	5,1
EGFR	p.(Leu858Arg)	4,2	3,5	0,88	25,4	EGFR	3	5	8,4	4,6	3	4	4	3,7
EGFR	p.(Gly719Ser)	16,7	17,1	1,34	7,8	EGFR	16,7	16	18,3	17,2	16,9	15,2	15,2	16,6
FGFR2	p.(Ser252Trp)	4	3,6	0,51	14,1	FGFR2	3,2	3,8	4,2	3,3	3,9	3,3	3,3	4,6
GNAQ	p.(Gln209Leu)	5	4,4	0,94	21,4	GNAQ	3,8	4,8	7,5	4,7	5	4,8	4,8	3,6
IDH2	p.(Arg140Gln)	5	4,7	1,00	21,1	IDH2	4,1	3,5	6,8	4,1	3,9	4,1	4,1	4,5
KRAS	p.(Gly13Asp)	25	24,6	2,10	8,5	KRAS	26,4	26,7	27,2	27,4	27,8	26,5	26,5	25,6
KRAS	p.(Gly12Val)	5	4,5	0,69	15,3	KRAS	3,5	4	6,4	4,7	4,3	3,8	3,8	4,6
KRAS	p.(Gln61Leu)	5	5,2	0,88	17,0	KRAS	4,6	4,7	5,3	4	5,9	4,2	4,2	4,3
NRAS	p.(Gln61Leu)	5	4,4	0,91	20,6	NRAS	4,3	4,7	7,1	4,5	5,2	5,7	5,7	5,5
PIK3CA	p.(Glu545Lys)	5	4,1	0,68	16,4	PIK3CA	4,1	4,5	6,4	4,3	6	4,2	4,2	5,4
PIK3CA	p.(His1047Arg)	30	29,8	1,32	4,4	PIK3CA	30,3	29,3	32,5	29,4	29,7	29,9	29,9	27,6



Unité de bioinfo

Pipeline d’analyse d’exome avec getion des versions des dépendances et des bases de données avec Nix

Reproducible

Nix builds packages in isolation from each other. This ensures that they are reproducible and don't have undeclared dependencies, so **if a package works on one machine, it will also work on another.**

Declarative

Nix makes it **trivial to share development and build environments** for your projects, regardless of what programming languages and tools you're using.

Reliable

Nix ensures that installing or upgrading one package **cannot break other packages**. It allows you to **roll back to previous versions**, and ensures that no package is in an inconsistent state during an upgrade.

NixOS

Nix Community Survey 2025 is here!
Help us improve by sharing your feedback.

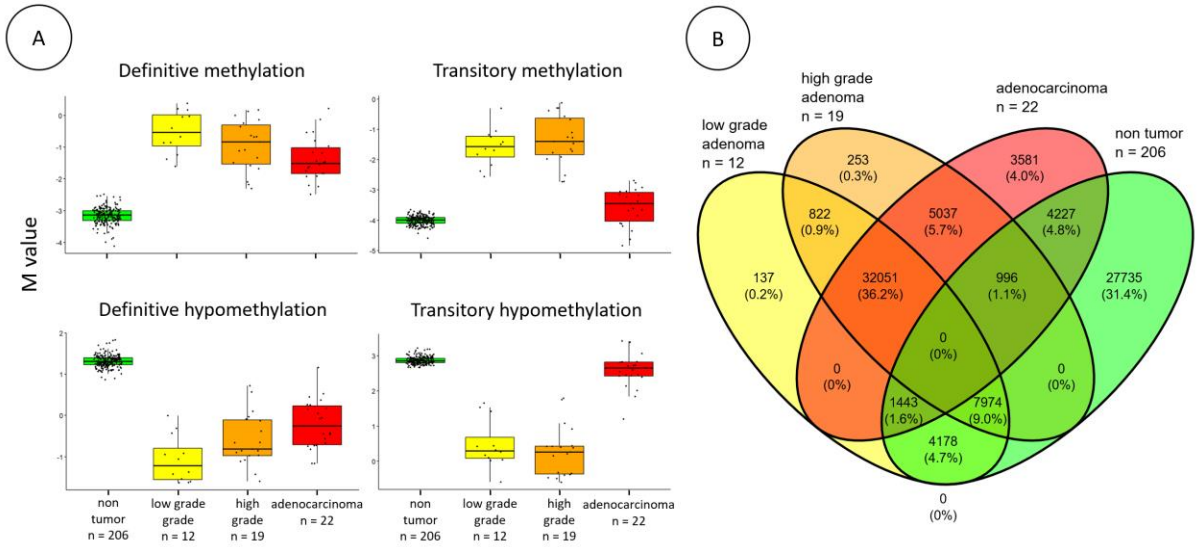
Declarative builds and deployments.

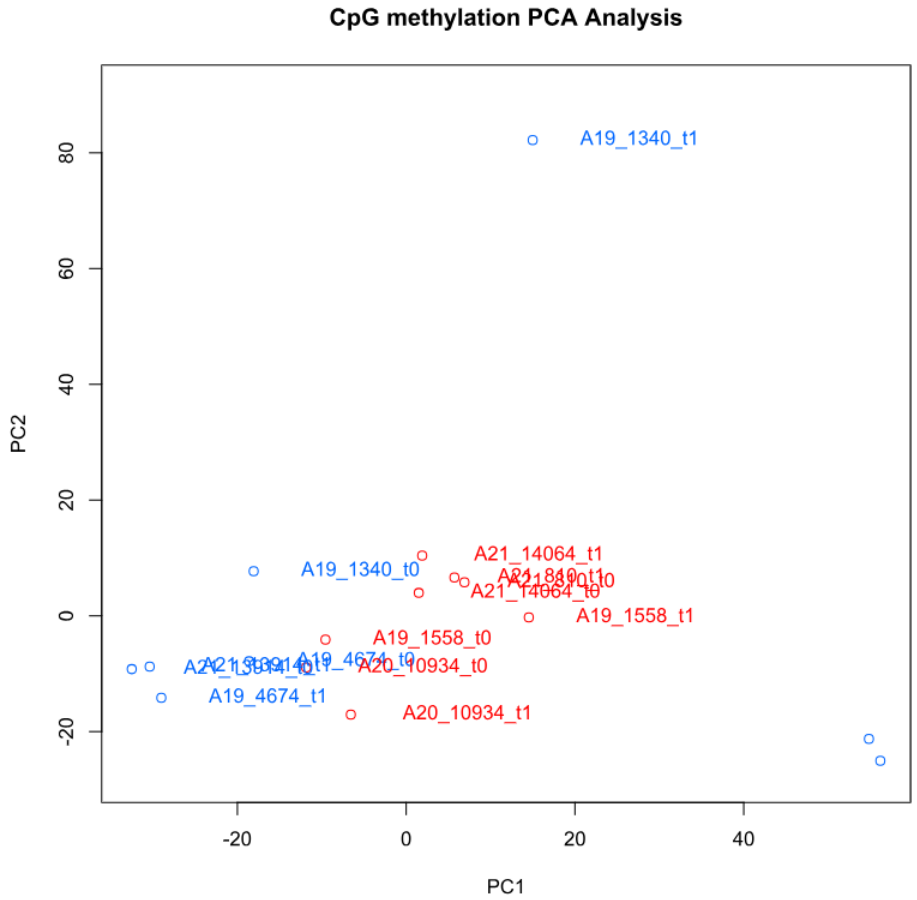
Nix is a tool that takes a unique approach to package management and system configuration. Learn how to make reproducible, declarative and reliable systems.

Plateforme EPIGENExp

- Réalisation de PCR digitale biorad, ChIP, RRBS, bisulfite sequencing et methylation Beadchip
- Expertise en épigénétique

Travaux sur des adénomes, en cours de Review





Travaux sur des leucocytes

Collaboration avec l’equipe UTINAM - UMR 6213

- Travaux d’analyse d’image d’ACP