

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2020

Théorie 50 % - Pratique 50 % - 10 stagiaires par session – 1 poste par stagiaire

Module 23 Analyse Traitement bioinformatique et analyse différentielle de données d'expression RNA-seq sous Galaxy (27, 28 et 29 mai 2020)

Objectifs pédagogiques

A l'issue de cette formation, vous serez capable, dans le cadre d'une analyse de données RNA-seq avec génome de référence et plan d'expérience simple :

- de connaître le vocabulaire et les concepts bioinformatiques et biostatistiques ;
- de savoir enchaîner de façon pertinente un ensemble d'outils bioinformatiques et biostatistiques dans l'environnement Galaxy ;
- de comprendre le matériel et méthodes d'un article du domaine ;
- d'évaluer la pertinence d'une analyse RNA-seq en identifiant les éléments clés et comprendre les particularités liées à la nature des données.

Programme

Bioinformatique

- S'initier à l'environnement Galaxy
- Obtenir des données de qualité : nettoyage, filtrage, qualité
- Aligner les lectures sur un génome de référence
- Détecter de nouveaux transcrits
- Quantifier l'expression des gènes

Biostatistique

- Construire un plan d'expérience simple
- Normaliser les données de comptage
- Identifier les gènes différentiellement exprimés
- Se sensibiliser aux tests multiples

Dates & Horaires	Durée	Intervenants	Tarifs (Hors Taxe)
27, 28, et 29 mai 2020 9H00 ~ 17H30	3 jours	Cyprien Guérin / Valentin Loux / Christelle Hennequet-Antier / Sandra Dérozier / Julie Aubert	450 euros (INRAE) 510 euros (Académique) 1650 euros (Non académique)

Modalités de paiement	Conditions d'annulation	Contacts
Uniquement par bon de commande	En l'absence d'annulation par mail avant le 13 mai 2020 , le paiement sera dû	<i>veronique.martin@inra.fr</i> 01 34 65 2974 <i>formation.migale@inra.fr</i>