

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2022

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

Module 16 Analyse statistique de données RNA-Seq - Recherche des régions d'intérêt différentiellement exprimées (R, RStudio) – (30 et 31 mai 2022)

Objectives pédagogiques

Se sensibiliser aux concepts et méthodes statistiques pour l'analyse de données transcriptomiques de type RNA-Seq.
Comprendre le matériel et méthodes (normalisation et tests statistiques) d'un article.
Réaliser une étude transcriptomique avec R dans l'environnement RStudio.

Programme

Planification expérimentale des expériences RNA-Seq (identification des biais, répétitions, biais contrôlables).
Normalisation et analyse différentielle : recherche de "régions d'intérêt" différentiellement exprimées (modèle linéaire généralisé).
Prise en compte de la multiplicité des tests.

Le cours sera illustré par différents exemples. Un jeu de données à deux facteurs sera analysé avec les packages R DESeq2 et edgeR dans l'environnement RStudio.

Pré-requis

Être sensibilisé à R.

Pour ceux qui le souhaitent, vous pouvez suivre le module d'initiation à R proposé sur la plateforme migale, suivre un cours en ligne (<https://www.datacamp.com/courses/free-introduction-to-r>) ou vous exercer dans R à l'aide du package swirl qui propose des petits cours interactifs.

Des ressources en ligne supplémentaires sont disponibles sur les sites de R (<https://cran.r-project.org/>) et Rstudio (<https://rstudio.com/resources/training/>).

Dates & Horaires	Durée	Intervenants	Tarifs (Hors Taxe)
30 et 31 mai 2022 9h30 ~ 17h00	2 jours	Christelle Hennequet-Antier Julie Aubert	300 euros (INRAE) 340 euros (Académique) 1100 euros (Non académique)
Modalités de paiement	Conditions d'annulation	Contacts	
Uniquement par bon de commande	En l'absence d'annulation par mail avant le 16 mai 2022 , le paiement sera dû	veronique.martin@inrae.fr 01 34 65 29 74 formation.migale@inrae.fr	