

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2022

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 (23, 24 et 25 mai 2022)

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 clefs et comprendre les particularités liées à la nature des données.

Programme

Bioinformatique

- 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
- Préparer et déployer un ensemble d'analyses sur plusieurs échantillons

Biostatistique

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

Analyse de protocoles Bioinformatique et Biostatistiques issus de la littérature

Pré-requis

- Avoir suivi le module 17 (Galaxy) ou maîtriser l'utilisation de Galaxy

Dates & Horaires	Durée	Intervenants	Tarifs (Hors Taxe)
23, 24 et 25 mai 2022 9H00 ~ 17H30	3 jours	Cyprien Guérin Valentin Loux Christelle Hennequet-Antier 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 9 mai 2022 , le paiement sera dû	<i>veronique.martin@inra.fr</i> 01 34 65 2974 <i>formation.migale@inra.fr</i>