

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2017

Module 16 : Analyse statistique de données RNA-Seq - Recherche des régions d'intérêt différentiellement exprimées (R, RStudio et Galaxy) -

Objectifs

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 du domaine.

Comprendre les particularités liées à la nature des données.

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 et un jeu de données sera traité à l'aide du package R SARTools (basé sur les packages R DESeq2 et edgeR) dans les environnements Galaxy et RStudio.

| Dates & Horaires | Durée | Intervenants | Tarifs |
|-----------------------------|---------|-------------------------------|--------------------------|
| 16 mars 2017 : 9h30 ~ 17h30 | 2 jours | Christelle Hennequet-Antier / | 225 euros HT (INRA) |
| 17 mars 2017 : 9h30 ~ 16h00 | | Julie Aubert | 250 euros HT (hors INRA) |

Modalités pédagogiques

Théorie : 50% - Pratique : 50% - 10 stagiaires par session - Chaque stagiaire disposera d'un poste informatique dédié.

Modalités de paiement

Uniquement par bon de commande

Conditions d'annulation

En l'absence d'annulation par mail avant le **3 mars 2017**, le paiement sera dû.

Contacts

veronique.martin@jouy.inra.fr Tél. : 013465 2974
formation.migale@jouy.inra.fr
<http://migale.jouy.inra.fr/?q=fr/formations>