

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2019

Module 23 : Traitement bioinformatique et analyse différentielle de données d'expression RNA-seq sous Galaxy

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

- 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

12 juin 2019 : 9h30 ~17h30
13 juin 2019 : 9h30 ~17h30
14 juin 2019 : 9h30 ~17h30

Durée

3 jours

Intervenants

Cyprien Guérin / Valentin Loux /
Christelle Hennequet-Antier /
Sandra Dérozier / Julie Aubert

Tarifs

275 euros HT (INRA)
306 euros HT (Académique non INRA)
612 euros HT (Non académique)

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 **29 mai 2019**, le paiement sera dû.

Contacts

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