

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2020

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) – (19 et 20 mars 2020)**

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 et 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 et un jeu de données à deux facteurs sera traité à l'aide principalement des 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)
19 mars 2020 : 9h30 ~ 17h30 20 mars 2020 : 9H30 ~ 16H00	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 5 mars 2020 , le paiement sera dû	veronique.martin@inra.fr 01 34 65 29 74 formation.migale@inra.fr	