

# Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2020

*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** (27, 28 et 29 mai 2020)

### 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 clés 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	Durée	Intervenants	Tarifs (Hors Taxe)
27, 28, et 29 mai 2020 9H00 ~ 17H30	3 jours	Cyprien Guérin / Valentin Loux / Christelle Hennequet-Antier / Sandra Dérozier / 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 <b>13 mai 2020</b> , le paiement sera dû	veronique.martin@inra.fr 01 34 65 2974 formation.migale@inra.fr	