

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2016

Module 16 : Analyse statistique de données RNA-Seq sous Galaxy - Recherche des régions d'intérêt différentiellement exprimées-

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

- Initiation à l'environnement Galaxy.
- 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 dans l'environnement Galaxy.

| Dates & Horaires | Durée | Intervenants | Tarifs |
|----------------------------|---------|--------------------------------|---------------------------|
| 23 mai 2016 : 9h30 ~ 17h30 | 2 jours | Christelle Hennequet-Antier / | 225 euros HT (INRA) |
| 24 mai 2016 : 9H30 ~16h00 | | Julie Aubert / Sandra Dérozier | 300 euros TTC (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 **9 mai 2016**, 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>