

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" différemment 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

23 mai 2016 : 9h30 ~ 17h30
24 mai 2016 : 9H30 ~16h00

Durée

2 jours

Intervenants

Christelle Hennequet-Antier /
Julie Aubert / Sandra Derozier

Tarifs

225 euros HT (INRA)
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>