RNA-seq : Analyse bio-informatique sous UNIX

Formation continue - Module inter-entreprises

La formation Omic & NGS - Rennes - d'abord focalisée dans les années 2000 sur l'analyse des données à haut-débit issues des microarrays - est depuis plusieurs années centrée sur l'étude du transcriptome et de l'épigénome, au travers de modules focalisés sur le RNA-seq, le ChIP-seq, et sur l'interprétation biologique de listes de gènes d'intérêt, par le biais notamment de la construction de réseaux de gènes.

Cette formation annuelle à la carte se compose de 7 modules indépendants de 2 jours, vous permettant de construire de façon évolutive la fomration la plus adaptée à vos besoins. 2 des 7 modules sont dédiés à l'initiation aux langages R et UNIX, permettant ainsi aux débutants d'acquérir les pré-requis nécessaires aux autres modules.

LES +
DE LA FORMATION

Une pédagogie privilégiant les TD
Des TD sur jeux de données réels
L'objectif de vous rendre autonome,
Des formateurs pédagogues travaillant depuis plusieurs années dans le domaine Omics et NGS
Une formation conçue par une équipe pluridisciplinaire

https://www.omic-rennes.com

Durée : 2 jour(s) - 15h

Session(s)

Publics concernés
Secteurs académique ou privé,
Acteurs de la recherche et R&D
(ingénieurs, techniciens, chercheurs, cliniciens, post-doctorants, doctorants, stagiaires...)

Pré-requis
Être sensibilisé à Unix - possibilité de suivre le module Initiation à UNIX et à la gestion des big data

Responsables(s) et intervenant(s)
Sandrine LAGARRIGUE
Pierre-François ROUX

Nombre de participants
6 minimum - 12 maximum

Objectifs pédagogiques

S'initier aux commandes de base pour prétraiter vos données de séquençage RNA-seq, depuis des données brutes jusqu'au tableau de comptage des lectures (voir module 4 pour l'analyse statistique de ces données).

Au cours de ces journées nous ferons notamment appel aux outils FastQC, STAR, SAMtools, PicardTools, FeatureCount, Subread et RSeqQC. L'accent sera également mis sur les différents formats de fichiers générés lors du traitement de données NGS.

Programme

1. Les étapes de prétraitement des données :
qualité des données brutes / recherche de contamination / trimming des données brutes / alignements splicés sur génome de référence / prise en considération des artefacts de séquençage (multialignement, duplicats optiques).

2. Exploration des données alignées :
qualité des alignements et des librairies / saturation des librairies / clusterisation des échantillons.

3. Visualisation (sous UCSC et IGV) :
utilisation de la base de données Ensembl / préparation d'une référence annotée pour IGV.

4. Mesure de l'expression :
comptage par gène et exon / comptage par transcrit.

A l'issue de ce programme et à la demande des participants, pourront être arbordés :
la modélisation de transcrits,
la détection de variants sur données RNA-seq,
les problématiques spécifiques aux données sur lesquelles ils souhaitent travailler.

Mis à jour le : 19/10/2023

Contacts

Service Alternance et Formation Continue
tél : +33 (0)2 23 48 55 26
fc.rennes-angers@institut-agro.fr

Informations et inscription

Inscription via le site internet : https://formationcontinue.institut-agro-rennes-angers.fr
Les demandes d'inscription sont possibles jusqu'à 1 mois avant le début de la formation.
Formation ouverte sous réserve d'un nombre minimum d'inscrits
* Tarif en vigueur, révisé annuellement