RNA-seq : Analyse statistique sous R

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 R - possibilité de suivre le module Initiation à R

Responsables(s) et intervenant(s)
Sandrine Lagarrigue
Yuna Blum

Nombre de participants
6 minimum - 12 maximum

Objectifs pédagogiques

S'initier aux traitements statistiques de données RNA-seq les plus courants.

Programme

1. Overview des différentes utilisations et questions de recherche liées aux données de RNA-seq : Identification de nouveaux gènes/isoformes / Détection de polymorphisme / Analyse du polymorphisme conjointement à l'expression (editing, ASE, empreinte) / Analyse de l'expression (focus du présent module).

2. Plan d'expériences

3. Exploration des données :

Expression brutes / Normalisation RPKM et TPM.

4. Quels sont les gènes différentiellement exprimés entre conditions analysées ? Normalisation / Analyse différentielle (EdgeR, DEseq2) / Filtre des gènes dits non exprimés (HTSfilter) / Correction pour les tests multiples.

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