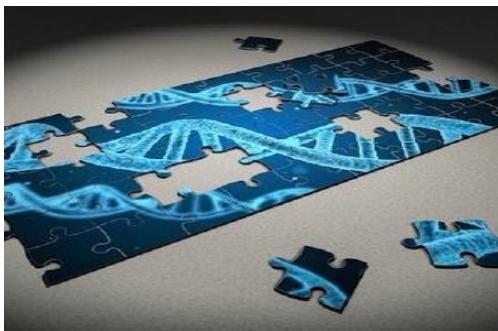


Formation continue - Module inter-entreprises



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 formation 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.

Durée
2 jour(s) - 15h

Session(s)

- Date à définir
Lieu : Rennes
Tarif : 700 euros
- 15 décembre 2025 au 16 décembre 2025
Lieu : Rennes
Tarif : 700 euros

Objectifs

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

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>

Responsables(s) et intervenant(s)

Sandrine Lagarrigue
Yuna Blum

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

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.

Informations particulières

Tarifs préférentiels pour les académiques, nous consulter.

Nombre de participants

6 minimum - 12 maximum

Contacts

Service Alternance et Formation Continue

tél : +33 (0)2 23 48 55 26

fc.rennes-angers@institut-agro.fr

Informations et inscription

<https://formationcontinue.institut-agro-rennes-angers.fr>

Formation ouverte sous réserve d'un nombre minimum d'inscrits