

## 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)

### Responsables(s) et intervenant(s)

Sandrine LAGARRIGUE  
Yuna BLUM

### Pré-requis

Être sensibilisé à R - possibilité de suivre le module Initiation à R

### Informations particulières

Tarifs préférentiels pour les académiques, nous consulter

### Nombre de participants

6 minimum - 12 maximum

### Objectifs

S'initier aux traitements statistiques les plus courants pour :

- interpréter biologiquement une liste de gènes d'intérêt,
- réaliser et visualiser des réseaux de gènes.

### 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>

### Publics concernés

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

### Programme

1. Les bases d'annotations fonctionnelles :  
GO / KEGG...
2. Interprétation biologique d'une liste de gènes :  
Méthode par test d'enrichissement sous R, David et String / Méthode GSEA sous R et interface GSEA.
3. Réseau de gènes : Méthodes utilisant les corrélations brutes :  
Méthode et package WGCNA.
4. Réseaux de gènes - méthodes utilisant les corrélations partielles :  
Corrélations partielles et modèles graphiques gaussiens.
5. Réseaux de gènes - outils de visualisation :  
Outils sous R / Cytoscape.

## Contacts

Service Alternance et Formation Continue

tél : +33 (0)2 23 48 55 26

[fc.rennes-angers@institut-agro.fr](mailto: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