

## Cycle « Analyse de données de séquençage à haut-débit »

### *Module 6/6 : Analyses RNA-seq – partie 2 (biostatistique)*

Le cycle de formation « Analyses de données de séquençage haut-débit » est constitué de six modules :

- 1) Analyses ADN
- 2) Analyses de variants
- 3) Métagénomique
- 4) Analyses ChIP-seq
- 5) Analyses RNA-seq - partie 1 (bioinformatique)
- 6) Analyses RNA-seq - partie 2 (biostatistique)**

Ces modules peuvent être suivis indépendamment. Toutefois, maîtriser le contenu du module 1 (nettoyage et qualité des données, mapping) est nécessaire à la bonne compréhension des modules suivants. De manière générale, le cycle de formation s'adresse à des participants qui ont des connaissances en biologie moléculaire et génomique.

Cette formation est proposée par la plate-forme de bioinformatique et biostatistique de Lille, bilille : <https://wikis.univ-lille.fr/bilille>

<b>OBJECTIFS</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Savoir réaliser une analyse différentielle de données RNA-seq à partir d'une table de comptage (quantifiant les lectures alignées) à l'aide du portail Galaxy</li> <li>- Avoir un regard critique sur les résultats d'une analyse différentielle</li> <li>- Comprendre différentes méthodes de normalisation et les contextes d'utilisation correspondants.</li> </ul>
<b>PUBLIC CONCERNÉ</b>	Biologistes, médecins et bioinformaticiens non experts en statistique: enseignants-chercheurs, chercheurs, ingénieurs, doctorants contractuels, post-doctorants
<b>PRÉ-REQUIS</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Etre familier avec la plate-forme web Galaxy (idéalement avoir suivi la formation bilille « Initiation à Galaxy »)</li> <li>- Avoir suivi le module 4/6 « Analyses RNA-seq – partie 1 (bioinformatique) » de ce cycle ou toute autre formation permettant de justifier de connaissances sur les données de séquençage haut débit et la façon d'obtenir une table de comptage.</li> </ul>
<b>CONTENU</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Design expérimental</li> <li>- Analyse exploratoire</li> <li>- Normalisation</li> <li>- Analyse différentielle de l'expression des gènes</li> <li>- Correction pour la multiplicité des tests</li> <li>- Mise en pratique avec SARtools</li> </ul>
<b>MÉTHODE</b>	Alternance entre parties théoriques et parties pratiques, essentiellement à l'aide d'outils logiciels libres accessibles sous Galaxy

## Cycle « Analyse de données de séquençage à haut-débit » Module 6/6 : Analyses RNA-seq – partie 2 (biostatistique)

<b>DATES</b>	23 et 24 septembre 2021 (1,5 jours)
<b>INTERVENANTS</b>	Guillemette Marot, MCU, Université de Lille, Faculté de médecine & Inria Samuel Blanck, Ingénieur Université de Lille
<b>EFFECTIF</b>	Un groupe de 10 personnes
<b>LIEU</b>	Campus Hospitalo Universitaire de Lille (faculté de médecine)
<b>INSCRIPTIONS</b>	Avant le 6 janvier 2021

	<p><b>Jennifer Chouchaoui</b> Service formation des personnels Domaine universitaire du Pont de Bois - BP 60149 59653 Villeneuve d'Ascq Cédex Tel. 03.62.26.95.42. Courriel : <a href="mailto:jennifer.chouchaoui@univ-lille.fr">jennifer.chouchaoui@univ-lille.fr</a></p>
	<p><b>Dorothee TERRY</b> Inserm DR Lille, 6 rue du Pr. Laguesse, CS 50027, 59045 LILLE Cedex Tél.: 03 20 29 86 78. Fax : 03 20 49 01 38. Courriel : <a href="mailto:dorothee.terryn@inserm.fr">dorothee.terryn@inserm.fr</a></p>
	<p><b>Pierre SILVEIRA</b> CNRS - Délégation Nord - Pas de Calais et Picardie, 2 rue des Canoniers, 59046 LILLE Cedex Tél.: 03 20 12 36 88. Fax : 03 20 12 36 90. Courriel : <a href="mailto:dr18.liste.fp@dr18.cnrs.fr">dr18.liste.fp@dr18.cnrs.fr</a></p>