

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2026

Module 23 - 16, 17 et 18 mars 2026

Traitement bioinformatique et analyse différentielle de données d'expression RNA-seq sous Galaxy

Théorie 50 % - Pratique 50 % - 10 stagiaires par session¹ - 1 poste informatique par stagiaire

Contacts

📞 01.34.65.29.74 (Veronique Martin)

✉ formation.migale@inrae.fr

Objectifs pédagogiques

A l'issue de cette formation, vous serez capable, dans le cadre d'une analyse de données RNA-seq avec génome de référence et plan d'expérience simple :

- de connaître le vocabulaire et les concepts bioinformatiques et biostatistiques;
- de savoir enchaîner de façon pertinente un ensemble d'outils bioinformatiques et biostatistiques dans l'environnement Galaxy;
- de comprendre le matériel et méthodes d'un article du domaine;
- d'évaluer la pertinence d'une analyse RNA-seq en identifiant les éléments clefs et comprendre les particularités liées à la nature des données.

1. -Nous nous réservons le droit d'annuler ce module si le nombre de participants est inférieur à 5-

Programme

Bioinformatique

- Obtenir des données de qualité : nettoyage, filtrage, qualité
- Aligner les lectures sur un génome de référence
- Détecter de nouveaux transcrits
- Quantifier l'expression des gènes
- Préparer et déployer un ensemble d'analyses sur plusieurs échantillons

Biostatistique

- Construire un plan d'expérience simple
- Normaliser les données de comptage
- Identifier les gènes différentiellement exprimés
- Se sensibiliser aux tests multiples

Analyse de protocoles bioinformatiques et biostatistiques issus de la littérature

Informations pratiques

Dates et horaires	Jours	Tarifs
16, 17 et 18 mars 2026	3 jour(s)	450 € (INRAE)
9h00-17h00		510 € (Académique)
		1650 € (Non académique)

Modalités de paiement	Conditions d'annulation
Uniquement par bon de commande	En l'absence d'annulation par mail avant le 01 mars 2026 le paiement sera dû

Intervenants

Cyprien Guérin / Valentin Loux / Christelle Hennequet-Antier / Julie Aubert