

Statistiques R

- ▶ **Public cible** : Etudiants ayant des besoins d'analyses de données de transcriptomique
- ▶ **Prérequis** : Aucun
- ▶ **Intervenant.e.s** : Pierre Osteil
- ▶ **Durée** : 16h
- ▶ **Période** : Période d'examen Licence/Master (Décembre ou Juin)
- ▶ **Nombre minimal de participant.e.s** : 8 / **Nombre maximal** : 20
- ▶ **Validation** : Un fichier html regroupant les analyses effectuées.
- ▶ **Inscription** : Via Adum
- ▶ **Pour plus d'informations sur le module** : contacter pierre.osteil@uca.fr

OBJECTIFS

Aujourd'hui les analyses de données issues de séquençage à haut débit sont omniprésentes dans les laboratoires de recherche. De nombreux étudiants ont exprimé leurs difficultés à appréhender ce type de données lors de leur doctorat. Le scénario classique est que l'étudiant génère les échantillons et les fasse séquencer. Ensuite, il devient dépendant de plateformes d'analyses bioinformatiques, souvent surchargées, entraînant des délais considérables dans la génération des résultats et une perte de souveraineté dans leurs analyses.

Ce module de formation est réservé aux doctorants de l'ED SVSAE ayant des besoins dans le domaine de la transcriptomique. L'objectif pédagogique est de former les doctorants qui n'auraient aucune base de code à l'analyse de transcriptome afin qu'ils soient autonomes dans leurs analyses.

CONTENU

- _ Prise en main de l'outil et fondamentaux : 4h
- _ Analyses de tableaux de qPCR et/ou d'imagerie : 4h
- _ Analyses de RNA-seq en population totale : 4h
- _ Analyses de RNA-seq en cellules uniques : 4h

METHODES

Chaque étudiant utilisera une session R Studio en machine virtuelle et devra coder selon mes instructions. Le code sera réalisé en autonomie, et les étudiants devront produire un fichier html qui contiendra l'ensemble de leur code.