



Programme

Chapitre 1 : Des données de séquençage aux tables de comptage

Formateurs : Sylvain Baulande, Sonia Lameiras (Institut Curie),
Christophe Malabat et Emmanuelle Permal (Institut Pasteur)

Théorie uniquement – Ce chapitre a pour but de vous donner une vue globale des technologies du NGS et de leur usage en cancérologie, ainsi que des éléments sur la manière dont le traitement des données issues de séquençage est effectué.

1. Introduction au séquençage d'ADN
2. Principe du NGS
3. Technologie Illumina
4. Applications du NGS en cancérologie
5. Application RNA-seq et intérêt en oncologie
6. Formats de fichiers : données brutes
7. Contrôle qualité des données
8. Préparer les données pour l'analyse
9. Alignement
10. Formats de fichiers : données alignées
11. Fichiers d'annotations & visualisation
12. Visualisation avec IGV
13. Comptage
14. Technologie Long Read
15. Approche RNA-seq Long-Read
16. Single Cell 10X Genomics

Chapitre 2 : Introduction à R : bases R et R Studio

Formateur : Yves Clément (Université Paris Cité)

Théorie et pratique – Ce chapitre a pour objectif de permettre aux personnes n'ayant jamais travaillé avec R Studio de comprendre le fonctionnement du logiciel. Cette initiation rapide vous permettra de comprendre plus facilement les codes qui vous seront présentés dans le chapitre 4.

1. R et R Studio : prise en main
2. Utilisation des données
3. Types de données : vecteurs, facteurs,
4. Types de données : dataframes
5. Les statistiques avec R
6. Graphiques de base
7. Le tidyverse
8. Les figures avec ggplot2



Chapitre 3 : Introduction aux statistiques appliquées aux analyses RNAseq

Formatrice : Olivier Kirsh (Université de Paris)

Théorie – Ce chapitre a pour but de vous rappeler les notions et concepts de bases en statistiques : variables aléatoires, sources de variabilités, fluctuations d'échantillonnage, choix du test statistique, et bonnes pratiques. Seront également abordées les spécificités des méthodes statistiques utilisées dans le cadre de l'analyse d'expression différentielle par RNA-Seq.

1. Des statistiques, mais pour quoi faire ?
2. Champ d'étude statistique
3. Analyses descriptives et exploratoires
4. Estimation et fluctuation d'échantillonnage
5. Les tests d'hypothèses
6. Conduite d'un test de student
7. Tests multiples et ANOVA
8. Analyse d'expression différentielle RNA-seq

Chapitre 4 : Analyse de l'expression différentielle des gènes

Formatrices : Gaëlle Lelandais (Université Paris Saclay)

Théorie et pratique – Ce dernier chapitre a pour but de vous présenter de manière concrète un type d'analyse de données RNAseq en s'appuyant sur tout ce que vous avez vu lors des semaines précédentes : après une explication théorique mettant en avant les points de vigilance, une mise en pratique d'une analyse de l'expression différentielle sera proposée et commentée avec un regard critique.

1. Un problème difficile pour les outils statistiques
2. Tests d'hypothèses
3. Réaliser une analyse différentielle : quels outils ?
4. Réaliser une analyse différentielle avec R et R Studio
5. Penser son plan d'expérience
6. Problématiques des analyses de données à large échelle