

**Amélioration de l'accès aux résultats
biologiques :
Séquençage ARN et Application Shiny**

Master 1 Bioinformatique

Université de Rennes 1

2019/2020



David GALLIEN & Gabin COUDRAY

ENGAGEMENT DE NON PLAGIAT

Je, soussigné (e)

Etudiant (e) en

Déclare être pleinement informé (e) que le plagiat de documents ou d'une partie de documents publiés sous toute forme de support (y compris l'internet), constitue une violation des droits d'auteur ainsi qu'une fraude caractérisée.

En conséquence, je m'engage à citer toutes les sources que j'ai utilisées pour la rédaction de ce document.

Signature

Laboratoire de Génomique Médicale
BMT-HC - CHU Pontchaillou
2 rue Henri le Guilloux
35033 Rennes Cedex
FRANCE

Annabelle MONNIER
annabelle.monnier@univ-rennes1.fr
TÉL. 33 (0)2 99 28 92 54

ENGAGEMENT DE NON PLAGIAT

Je, soussigné (e)

Etudiant (e) en

Déclare être pleinement informé (e) que le plagiat de documents ou d'une partie de documents publiés sous toute forme de support (y compris l'internet), constitue une violation des droits d'auteur ainsi qu'une fraude caractérisée.

En conséquence, je m'engage à citer toutes les sources que j'ai utilisées pour la rédaction de ce document.

Signature

Laboratoire de Génomique Médicale
BMT-HC - CHU Pontchaillou
2 rue Henri le Guilloux
35033 Rennes Cedex
FRANCE

Annabelle MONNIER
annabelle.monnier@univ-rennes1.fr
TÉL. 33 (0)2 99 28 92 54

Table des matières

Introduction	6
Contexte	6
Objectifs	6
Matériels et méthodes	7
Packages	7
Analyse RNAseq	7
DESeq2	7
ggplot	7
autres	7
Création de l'application	7
Shiny	7
Shinydashboard	7
autres	7
Création du rapport	7
R-Markdown	7
Jeu de données	7
Résultats	8
Analyse RNA-seq	8
Application RShiny	8
Conclusion et perspectives	9
Bibliographie	10
Résumé	11
Abstract	11
Annexe 1 : Script R pour l'analyse RNAseq via DESeq2	12

Annexe 2 : Script R pour l'application Shiny	13
ui	13
server	13
Fonctions	13

Introduction

Contexte

Aujourd'hui, la plupart des chercheurs n'a en général pas le temps d'utiliser les outils permettant une analyse des données générées par les nouvelles technologies. C'est pour cela qu'il est important de leur offrir la possibilité d'avoir accès à des outils facilitant l'analyse et leur permettant d'être plus efficaces. Le but principal de notre projet est de mettre en place une application qui pourra aider ces scientifiques à explorer leurs résultats sous l'environnement R. Pour cela le package Shiny nous permet de créer une application web interactive.

Néanmoins, afin de créer une application interactive, nous avons besoin de quelques choses à montrer. Dans le domaine de la recherche médicale qui est le principal axe de recherche, les techniques de séquençage de seconde génération sont souvent utilisées. Ces techniques génèrent de nombreuses données qui ont besoin d'être explorées et analysées. Nous avons donc décidé de concentrer notre travail sur le séquençage ARN (RNA-seq). Cette technique de séquençage de seconde génération a pour principal but de détecter des expressions différentielles entre des types cellulaires de différentes conditions.

Objectifs

Matériels et méthodes

Packages

Analyse RNAseq

DESeq2

ggplot

autres

Création de l'application

Shiny

Shinydashboard

autres

Création du rapport

R-Markdown

Jeu de données

Résultats

Analyse RNA-seq

Application RShiny

Conclusion et perspectives

Bibliographie

Résumé

Abstract

Annexe 1 : Script R pour l'analyse RNAseq via DESeq2

Annexe 2 : Script R pour l'application Shiny

ui

server

Fonctions