**Lire LE RAPPORT DE STAGE**

**Info is beautiful:**  
[http://www.informationisbeautiful.net/](http://www.informationisbeautiful.net/" \t "_blank)  
  
**Outils "innovants" à suivre pour le GO enrichment**

**AbsFilterGSEA**  
[http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0165919](http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0165919" \t "_blank) (Une piste à suivre ou au moins lire l'article pour être averti. De mon côté j'ai juste lu en diagonale vu l'heure...)  
  
**SeqGSEA**  
[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24535097](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24535097" \t "_blank) (idem)  
  
...une fois les GO-termes significatifs listés je pourrai brancher une partie de mon code R et on pourra faire les visualisations avec Shiny. Ce sera le plus difficile à mon avis étant donné que les outils cités précédemment font correctement le boulot à notre place une fois la bonne commande trouvée.

**Tutos**  
[https://bioinfo-fr.net/lanalyse-de-donnees-rna-seq-mode-demploi](https://bioinfo-fr.net/lanalyse-de-donnees-rna-seq-mode-demploi" \t "_blank)  
  
[https://bioinfo-fr.net/lannotation-de-regions-genomiques-et-les-analyses-denrichissement](https://bioinfo-fr.net/lannotation-de-regions-genomiques-et-les-analyses-denrichissement" \t "_blank)

https://bioinfo-fr.net/representer-le-metabolisme-les-reseaux-metaboliques

[https://bioinfo-fr.net/ipath-partout](https://bioinfo-fr.net/ipath-partout" \t "_blank) Visualisation des voies métaboliques sur/sous-représentées

https://bioinfo-fr.net/tour-dhorizon-des-outils-de-visualisation-des-reseaux-biologiques

[https://bioinfo-fr.net/data-visualisation-ou-lart-de-se-faire-comprendre](https://bioinfo-fr.net/data-visualisation-ou-lart-de-se-faire-comprendre" \t "_blank)

**Reviews**  
(ces liens sont plutôt pour moi, vu que je ne fais pas de rna-seq, mais je les poste dans ce mail comme ça sur de les retrouver ^^) :

[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4728800/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4728800/" \t "_blank)    
  
[http://michelebusby.tumblr.com/post/26913184737/thinking-about-designing-rna-seq-experiments-to](http://michelebusby.tumblr.com/post/26913184737/thinking-about-designing-rna-seq-experiments-to" \t "_blank)

**ET si on veut s'amuser a refaire l'analyse de A à Z:**  
  
[http://bioinformatics.uconn.edu/resources-and-events/tutorials/rna-seq-tutorial-with-reference-genome/](http://bioinformatics.uconn.edu/resources-and-events/tutorials/rna-seq-tutorial-with-reference-genome/" \t "_blank)

**Rendre un script R executable:**

https://www.r-bloggers.com/making-r-files-executable-under-windows/

|  |  |
| --- | --- |
|  |  |
|  |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| |  |  | | --- | --- | | |  | | --- | | **Autres** | |   [https://bioinfo-fr.net/soiree-bed-fasta](https://bioinfo-fr.net/soiree-bed-fasta" \t "_blank) |