Animation StatOmique

25 octobre 2022

J. Aubert, C. Hennequet-Antier, M.-A. Dillies

StatOmique

StatOmique est fondé sur le partage d'expérience autour de l'analyse statistique de données omiques.

Il rassemble une communauté recouvrant des profils allant de la **conception de méthodes** au **développement d'outils** jusqu'à l'**analyse** et l'interprétation des données.

Journées ou demi-journées à thème (deux à quatre par an) qui abordent à la fois les données et les méthodes développées spécifiquement pour leur traitement, afin de mieux comprendre les intérêts et limites de ces dernières.

• https://statomique.netlify.app/

Groupe de travail soutenu par le gdr de BioInformatique Moléculaire

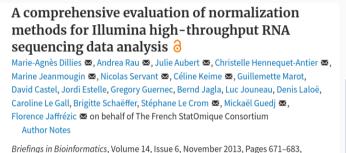




En quelques dates

- janvier 2008 : naissance de StatOmique en marge de la conférence SMPGD à Rennes
- 27 mai 2008 : première journée d'animation
- 2011-2012 : mise en place d'ateliers
- 2013

https://doi.org/10.1093/bib/bbs046







- 2016 : StatOmique devient groupe de travail gdr BiM
- Août 2018 : Poster JOBIM
- 5 novembre 2019 : journée anniversaire 10 ans
- 19 novembre 2020 : première réunion en mode distanciel
- 25 octobre 2022 : 31ème journée d'animation (hors ateliers)

Nous rejoindre

☑ Liste de diffusion (auj. > 100 inscrits)

envoyer un mail depuis votre adresse professionnelle à sympa@agroparistech.fr avec comme objet

SUBSCRIBE statomique Prénom Nom

Les prochaines actions de StatOmique

Printemps 2023 - journée en l'honneur de Denis Laloë

- sur le centre INRAE de Jouy-en-Josas
- analyses intégratives multivariées

Plus tard

On attend vos propositions!

Programme de la journée

10h30 Introduction et tour de table

10h45 Benchmark of Differential Gene Expression Analysis Methods for Inter-species RNA-Seq Data using a Phylogenetic Simulation Framework , Paul Bastide, IMAG – UMR 5149

11h45 **ABEILLE: a novel method for ABerrant Expression Identification empLoying machine Learning from RNA-sequencing data.** Justine Labory, Medical Data Laboratory, Université Côte d'Azur

12:10 **Robust deconvolution of transcriptomic samples using the gene covariance structure.** Bastien Chassagnol, Sorbonne Université, LPSM // Les Laboratoires Servier

Pause déjeuner

Programme de la journée

13:45 Analyse de cribles génétiques CRISPR-Cas9. Pierre Gestraud, Institut Curie

14:45 **Differential Analysis for RNA-seq using Intensive Randomization.** Dorota Delasaulle, UR 7537 Biostatistique, Traitement et Modélisation des données biologiques, Fac. de Pharmacie, Univ. Paris Cité

15:15 Pause

15:30 **Neglecting normalization impact in semi-synthetic RNA-seq data simulation generates artificial false positives.** Boris Hejblum Inserm U1219 Bordeaux Population Health, Inria BSO, Université de Bordeaux

16:30 Discussion échange autour des pratiques de l'analyse différentielle d'expression de gènes

17:00 Clôture de la journée