- Démarches administratives (badge, compte utilisateur, clé)
- Ouverture compte sur le serveur luke de ciment via perseus (puis demander un rattachement au projet epilung) https://perseus.ujf-grenoble.fr/register
- Ouvrir un compte GitHub (envoyer l'identifiant à Magali) et configurer git sur l'ordinateur.

Tuto et infos sur git dans supergenes/misc/tuto_git_github.html

- Cloner le projet https://github.com/magrichard/supergenes en ouvrant un projet associé (version control) sur GitHub. Ce projet va recenser tous tes travaux de stage
- Cloner les projets dmprocr (R package développé par un étudiant de M2, Paul Terzian pour faire de l'analyse de méthylation différentielle) https://github.com/bcm-uga/dmprocr

https://github.com/bcm-uga/dmprocrdata

Installer les package via devtools::install(): https://github.com/r-lib/devtools

- Cloner le projet penda (R package développé par Clémentine Decamps pour faire de l'analyse différentielle personnalisée) https://github.com/bcm-uga/penda Installer le package via devtools::install() : https://github.com/r-lib/devtools

- Prendre en main le jeu de données sur dmprocrdata, essayer de faire tourner le package dmprocr à l'aide de la vignette
- importer les jeux de donnée suivants:

<u>luke.ujf-grenoble.fr:</u>/home/fchuffar/projects/tcga_studies/study_TCGA-LUAD_meth.rds

<u>luke.ujf-grenoble.fr:</u>/home/fchuffar/projects/tcga_studies/study_TCGA-LUAD_cnv.rds <u>luke.ujf-grenoble.fr:</u>/home/fchuffar/projects/tcga_studies/study_TCGA-LUAD_trscr.rds

utiliser la commande rsync, par ex:

rsync -auvP <u>luke.ujf-grenoble.fr:</u>/home/fchuffar/projects/tcga_studies/study_TCGA-LUAD_meth.rds ~/projects/tcga_studies/

- faire un journal club sur l'analyse différentielle de la méthylation à partir des articles suivant (présentation vendredi 11/03 de 13h à 14h):
- + Epigenetics Chromatin 2015 Peters
- + Nucleic Acids Research 2013 Vanderkraats
- + Nucleic Acids Research 2017 Schlosberg