

TP 2: analyse de données RNA-Seq

G. Marot - Briend (guillemette.marot@univ-lille.fr)

SARTools est un package R facilitant l'analyse différentielle de données RNASeq. En particulier, il permet de vérifier rapidement la qualité des données téléchargées et facilite l'utilisation des packages **edgeR** et **DESeq2**. Ce package n'est pas disponible sur le CRAN mais il peut être installé à partir de github en suivant les recommandations données sur la page web : <https://github.com/PF2-pasteur-fr/SARTools/blob/master/README.md>

Téléchargez le fichier `lobel.zip` contenant les données brutes de comptage de l'article

Lobel L, Herskovits AA (2016) Systems Level Analyzes Reveal Multiple Regulatory Activities of CodY Controlling Metabolism, Motility and Virulence in *Listeria monocytogenes*. PLoS Genet 12(2) :e1005870.doi :10.1371/journal.pgen.1005870.

Téléchargez le fichier `target.txt` contenant la description des conditions de l'expérience.

Lancer une analyse DESeq2 pour identifier les gènes différentiellement exprimés entre la condition CodY et la condition WT. Commentez les sorties.

Au regard de l'ACP, quel effet proposez-vous d'inclure dans le modèle? Relancez l'analyse en incluant cet effet.