

Quiz - Séance 3

Total points 10/10 ?

Ce questionnaire a pour objectif de vous aider à vérifier votre maîtrise des éléments vus en cours. Vous répondez aux questions suivantes. Si vos réponses sont justes, tout va bien ! Si ce n'est pas le cas, il est important de revoir le cours et de solliciter l'équipe enseignante si des clarifications sont nécessaires.

0 of 0 points

Quel est votre prénom ? *

Gaëlle

Quel est votre nom ? *

LELANDAIS

L'analyse différentielle, taille d'effet, dispersion et force d'expression 5 of 5 points

✓ L'analyse différentielle a pour objectif : *

1/1

☐ De comparer (d'un point de vue statistique) les niveaux d'expression de plusieurs gènes au sein d'une cellule dans un état donné.☒ D'identifier les gènes pour lesquels les quantités de transcrits sont significativement différentes (d'un point de vue statistique) entre deux conditions comparées.

✓

☒ De comparer la composition des transcriptomes de cellules entre deux conditions comparées.

✓



✓ Pour réaliser une analyse différentielle, il faut disposer : *

1/1

- ☐ D'une table de comptages (counts) composée de plusieurs milliers de lignes (les gènes ou les transcrits) et deux colonnes seulement (conditions comparées A et B).
- ☐ D'une table de comptages (counts) composée de quelques dizaines de lignes (pas plus de 10, sinon les calculs statistiques sont trop complexes) et deux colonnes (conditions comparées A et B).
- ☒ D'une table de comptages (counts) composée de plusieurs milliers de lignes (les gènes ou les transcrits) et plusieurs colonnes (conditions comparées A et B, étudiées avec plusieurs réplicats, généralement 2 ou 3). ✓

✓ Le paramètre de la longueur des gènes doit absolument être pris en compte lors d'une analyse différentielle :

*1/1

- ☐ Oui
- ☒ Non ✓
- ☐ Je ne sais pas

✓ Le paramètre de taille des bibliothèques (*library size*) doit absolument être prise en compte lors d'une analyse différentielle :

*1/1

- ☒ Oui ✓
- ☐ Non
- ☐ Je ne sais pas



- ✓ Les notions importantes à prendre en compte pour la réalisation d'une analyse différentielle sont : 1/1
- ☒ La taille d'effet ✓
 - ☒ La dispersion ✓
 - ☒ La "force" d'expression ✓

La méthodologie DESeq, les grands principes

5 of 5 points

- ✓ La méthode DESeq ne peut être utilisée que dans le cas d'une analyse différentielle à partir de résultats RNAseq : *1/1
- ☐ Oui
 - ☒ Non ✓
 - ☐ Je ne sais pas

- ✓ En statistiques, une modélisation consiste : * 1/1
- ☐ A utiliser l'équation mathématique de la loi normale pour calculer une valeur P (p-value).
 - ☒ A écrire une équation mathématique entre des variables d'intérêt (étudiées). Les paramètres de cette équation sont estimés à partir d'observations de mesures des variables étudiées. ✓
 - ☒ A supposer une relation entre des variables d'intérêt (étudiées). Cette relation sera utile pour réaliser des prédictions (prévoir la valeur d'une variable, en fonction de la valeur d'une autre variable). ✓



✓ Pour être mise en application, il est nécessaire de fournir à la méthodologie DESeq : *1/1

- ☒ Une table de comptages (counts). ✓
- ☒ Une table des variables explicatives (en relation avec le plan des expériences). ✓
- ☐ Une liste de gènes que l'on sait ne pas être différentiellement exprimés entre les conditions comparées.

✓ La méthodologie DESeq permet d'identifier des gènes pour lesquels les différences d'expression observées entre les conditions comparées sont statistiquement « significatives ». Pour cela : 1/1

- ☒ Tous les gènes sont successivement analysés (cela représente plusieurs milliers de tests statistiques). ✓
- ☐ Seules les observations associées à un gène donnée (réplicats des mesures de comptage observées entre les conditions comparées) sont utilisées pour décider si la différence est significative ou non significative.
- ☒ Un test statistique est réalisé pour chaque gène, à partir de modèles estimés sur plusieurs gènes. C'est ce que l'on appelle la procédure de « shrinkage ». ✓

✓ La table finale des résultats obtenues après la mise en application de la méthode DESeq comporte : 1/1

- ☒ Tous les gènes (ou transcrits) initialement présents dans la table de comptage (counts) initiale. ✓
- ☐ La liste des gènes différentiellement exprimés.
- ☒ Un ensemble de paramètres statistiques permettant de filtrer les gènes et de créer une liste de gènes candidats pour être différentiellement exprimés entre les conditions comparées. ✓

This content is neither created nor endorsed by Google. [Report Abuse](#) - [Terms of Service](#) - [Privacy Policy](#).



Google Forms

