

---

**DENA GIVARI**, University of Guelph

*De l'application d'un modèle de mélange bayésien infini*

En analyse de micropuces, les gènes sont exprimés à différents niveaux selon les conditions cellulaires. L'identification de gènes est supposée renseigner sur leurs fonctions biologiques lorsque leurs formes d'expression sont similaires dans des conditions démontrant des régimes variables de temps, de croissance, de topographie, d'histologie et de physiologie. L'objectif est de créer des grappes rassemblant les gènes dont les niveaux d'expression sont liés entre eux sous différentes conditions. Nous avons développé un algorithme récent basé sur un modèle de mélange bayésien infini, et nous permettons en particulier des matrices de covariance non isotropes afin de mieux refléter la réalité. Notre algorithme est présenté et illustré au moyen de données réelles et simulées.