
YAWEN XU, York University

Méthode d'intégration de données de différentes plateformes et application à l'analyse combinée de données provenant de biopuces et protéomiques

Il est souhaitable, dans les études génomiques, de sélectionner des biomarqueurs qui distinguent entre les populations normales et malades en fonction d'ensembles de données apparentés tirés de plateformes distinctes. La plupart des méthodes d'intégration récentes mettent l'accent sur les analyses de corrélation entre les profils d'expression des gènes et des protéines. Elles sélectionnent des biomarqueurs dont le comportement concorde, mais ne sélectionnent pas directement des biomarqueurs exprimés différemment. D'autres méthodes combinent les preuves statistiques concernant le rang et les valeurs p , mais elles ne tiennent pas compte des relations de dépendance entre les données sur différentes plateformes. Nous proposons une méthode d'intégration pour tester des hypothèses et sélectionner des biomarqueurs en fonction d'ensembles de données multi-plateformes observées dans des populations normales et malades.