
ANJALI SILVA, University of Guelph

Analyse comparative des techniques de classification des données de séquençage ARN

Le séquençage de l'ARN (ou RNA-seq) est une approche profonde de la profilation de transcriptomes basée sur le séquençage. Ce séquençage fournit des comptages de transcriptions, offrant ainsi une méthode pour quantifier le niveau d'expression des gènes. Or malgré la vaste disponibilité de données RNA-seq, l'interprétation de ces données dans leur contexte biologique demeure un défi. À l'aide d'algorithmes de classification, il est possible d'effectuer une étude systématique des relations entre gènes pour identifier des gènes qui partagent des profils d'expression similaires. Nous présentons une étude comparative de trois techniques de classification avec des données RNA-seq obtenues d'une étude d'expression génétique sur la réponse du maïs à la restriction de l'azote. Nous analysons les classes de gènes identifiées par chaque méthode afin de déterminer leur importance biologique.