
DREW NEISH, University of Guelph

Partitionnement des données à l'aide de modèles de régression de mélanges Dirichlet multinomiaux

Les analyses de composition du microbiome humain sont possibles à l'aide de méthodes de séquençage avancées, où le résultat est une abondance de taxons bactériens différents dans chaque échantillon de microbiome. Précédemment, modèle de mélanges de Dirichlet multinomial était utilisé pour modéliser de telles données métagénomiques de microbes, où chaque composante du mélange représente des méta-communautés distinctes qui présentent des compositions de biotes semblables. Par contre, l'identification de l'association de covariables environnementales ou biologiques avec l'abondance dans différentes méta-communautés demeure un problème sérieux. Ici, un modèle de régression de mélanges Dirichlet multinomiaux est proposé et présenté. Ces modèles permettent une recherche probabiliste de la relation entre l'abondance bactérienne et les covariables environnementales ou biologiques au sein de chaque méta-communauté présumée.