
LAURENT BRIOLLAIS, University of Toronto

Modèles graphiques bayésiens pour l'analyse de réseaux de gènes dans des problèmes à grande échelle

La détection des interactions génétiques et l'inférence de la topologie de réseaux de gènes peut être une approche très précieuse pour comprendre la base conjointe de l'étiologie de maladies complexes. L'information sur les réseaux de gènes est, malheureusement, très difficile à appréhender et seulement partiellement disponible. Les modèles graphiques bayésiens (MGB) fournissent un cadre probabiliste pour l'inférence et représentent nos connaissances sur ces données structurées complexes. Nous discutons ici l'utilisation des MGB pour l'analyse des réseaux de gènes dans des problèmes à grande dimension et comment l'information experte a priori et des algorithmes efficaces peuvent aider à déduire ces réseaux complexes. Des applications actuelles sur des problèmes génétiques et génomiques dans la recherche sur le cancer seront présentées.