
Développements récents en modélisation et analyse génomiques statistiques

Responsable et présidente: Jinko Graham (Simon Fraser University)

CELIA GREENWOOD, McGill University

Méthodes d'analyse pour la méthylation de l'ADN

La méthylation contrôle l'activité de l'ADN en bloquant l'accès aux endroits méthylés dans le génome. Ce phénomène, spécifique à chaque type de cellule, est un des déterminants de la spécificité cellulaire. Les profils de méthylation peuvent varier en fonction de l'âge, de la maladie, et d'autres facteurs environnementaux. Puisque la méthylation est mesurée à l'aide de méthodes expérimentales à haut débit, l'analyste est confronté aux problèmes associés avec les jeux de données de grande taille, ainsi qu'à des biais techniques, et à des corrélations de longue portée. La présentation discutera quelques approches analytiques propres à ce genre de données, se concentrant, en particulier, sur l'étude de formes locales de méthylation, incluant des méthodes de réduction de dimension et d'analyse fonctionnelle.

GABRIELA COHEN FREUE, University of British Columbia

Augmentation des découvertes en protéomique grâce à des données de génomique

Il existe à ce jour un besoin clinique non comblé pour identifier les indicateurs moléculaires (p. ex. des protéines) de diverses maladies, y compris le cancer, l'insuffisance cardiaque et la maladie pulmonaire obstructive chronique. Cet exposé porte sur le problème des erreurs de mesures lors de l'analyse quantitative des protéines, ce qui peut affecter l'identification des biomarqueurs protéiques dans le cadre d'une étude. Comme les niveaux de protéines sont partiellement régulés par l'expression génique, des données connexes en génomique peuvent être utilisées pour traiter ce problème par la spécification d'estimateurs par variables instrumentales. La méthodologie proposée exploite les mécanismes plausibles tirés de connaissances biologiques existantes qui associent les gènes, les protéines et les maladies, et tire profit de ces connaissances pour augmenter la puissance du signal de signatures protéomiques et génomiques parfois faibles mais pertinentes du point de vue biologique.

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.