

---

**KUN LIANG**, University of Waterloo

*Modèle d'arbre de Markov caché pour tester les nombreuses hypothèses de l'ontologie des gènes sur des ensembles de gènes*

Les tests sur des catégories de gènes prédéfinies sont devenus une pratique commune pour les scientifiques qui analysent les données à débit élevé provenant de transcriptomes. Une façon systématique de tester les catégories de gènes amène à tester des centaines d'hypothèses nulles qui correspondent à des nœuds dans un graphe acyclique orienté. Les relations entre les catégories de gènes entraînent des restrictions logiques entre les hypothèses nulles correspondantes. Selon un modèle d'arbre de Markov caché, nous développons une méthode informatique efficace pour incorporer l'information de dépendance parmi les hypothèses nulles. Notre méthode fournit des résultats plus puissants que ceux provenant des méthodes existantes qui respectent les restrictions logiques.