

# Analyse et modélisation de l'expression des gènes

Guillaume Bourque  
*Centre de recherches mathématiques*  
*Université de Montréal*  
*C.P. 6128, succ. Centre-ville*  
*Montréal, Québec*  
*CANADA H3C 3J7*

## Résumé

Les progrès récents du séquençage à grande échelle et les études comparatives ont rendu disponible une pléthore de nouvelles données génomiques. Alors que les séquences de génomes entiers deviennent disponibles, la recherche se tourne vers la génomique fonctionnelle plutôt que structurelle. Les biopuces, avec leurs capacités parallèles massives pour mesurer l'expression des gènes, sont devenues un outil attrayant pour une meilleure compréhension des processus biologiques. Dans cette présentation, nous passerons en revue diverses techniques statistiques pour l'analyse des biopuces soit : le clustering avec k-means, le clustering hiérarchique, PCA (analyse du composant principal), SVD (décomposition en valeurs singulières), SVM (machines à vecteur support). Nous décrirons également les divers modèles discrets et continus qui peuvent être employés pour l'analyse des réseaux de gènes. Ceci incluent : réseaux booléens, les modèles qualitatifs et linéaires par morceaux, les équations différentielles et les modèles bayésiens.