

# Méthodes informatiques pour l'étude de la régulation des gènes

Mike Hallett

*McGill Centre for Bioinformatics*

*McGill University*

*3775 University, Lyman Duff Building*

*Montréal, Québec*

*CANADA H3A 2B4*

## **Résumé**

Cet exposé a pour but d'explorer certaines techniques actuellement utilisées pour comprendre la régulation des gènes, par l'étude des données d'expression (microarrays, SAGE), la localisation de données (puces à ADN), la recherche de motifs (matrices de poids, co-occurrences), et les empreintes phylogénétiques. Nous examinerons certaines propriétés associées à chaque type de données et décrirons certaines stratégies informatiques actuellement utilisées. Nous nous intéresserons également à l'intégration de ces types de données hétérogènes par un réseau bayésien. Une attention spéciale sera portée à la description de stratégies informatique utilisées pour l'exploration de l'espace de recherche incroyablement grand induit par ces modèles.