



**14**  
**FÉV.**  
2008

🕒 de 11h au 12h

## SÉMINAIRE

# Statistique pour les microarrays CGH multipatients. Segmentations jointes dans des signaux gaussiens multivariés.

**Franck Picard**

CR CNRS, LBBE

Résumé Je profiterai de ce séminaire pour présenter aux différentes équipes mes travaux de recherche et les projets sur lesquels j'ai l'intention de m'investir à court et moyen terme. Dans un premier temps, j'expliquerai le contexte applicatif de mon travail, à savoir la recherche d'aberrations chromosomiques à l'aide de la technologie des microarrays CGH. C'est une technologie qui a été principalement développée pour ses applications à l'étude des génomes tumoraux, mais sa disponibilité a rendu possible l'investigation des défauts chromosomiques de petite taille sur les populations humaines. Ces études de génétique humaine ont permis la découverte de nouveaux marqueurs génétiques, les CNV pour Copy Number Variants qui concerneraient 12% du génome humain. En plus d'avoir permis d'établir de véritables portraits moléculaires des tumeurs, les microarrays CGH ont donné un éclairage nouveau à toutes les études classiques de génétique humaine (association/liaison). D'un point de vue statistique, les modèles sur lesquels je travaille sont des modèles de segmentation, ou de détection de ruptures dans un signal gaussien. La difficulté nouvelle étant de segmenter plusieurs signaux simultanément afin de prendre en compte plusieurs patients. Cette problématique soulève deux questions majeures : une question de modélisation, comment modéliser des segmentations jointes, et une question algorithmique, comment estimer la position des ruptures en une complexité raisonnable. Dans un dernier temps, j'évoquerai l'application croissante de la technologie des tiling arrays aux CGH, et discuterai les problèmes méthodologiques posés par cette nouvelle technologie.