

Pierre Neuvial, Laboratoire Statistique et Génome, Evry

Segmentation de données de nombres de copies d'ADN en  
cancérologie à l'aide du "group fused Lasso"

**Résumé:**

Les nombres de copies d'ADN d'une cellule tumorale peuvent être vus comme un signal à deux dimensions (maternelle et paternelle) le long du génome. Le processus biologique sous-jacent est constant par morceaux, avec des sauts aux mêmes instants dans les deux dimensions.

Je montrerai comment la méthode du group fused Lasso/LARS proposée par Vert et Bleakley [1] peut être utilisée pour identifier de tels sauts, et j'expliquerai pourquoi et comment nous avons réimplémenté cette méthode (déjà disponible en MATLAB) en langage R.

Il s'agit d'un travail réalisé avec Morgane Pierre-Jean.[1] K. Bleakley and J.-P. Vert, "The group fused Lasso for multiple change-point detection", Technical report, June, 2011.

<http://hal.archives-ouvertes.fr/hal-00602121>