

Korte inhoud

Afgeleid uitgebreide regulerende netwerken van high-throughput data is een van de belangrijkste uitdagingen van de moderne systeembioogie. Als high-throughput expressie profilering experimenten hebben Vaststaat, opgedaan in vele laboratoria, zijn verschillende technieken voorgesteld om regulerende netwerken van hen af te leiden en veel inspanning gaat naar de ontwikkeling van algoritmen die de structuur van regulatorische netwerken afleiden uit deze gegevens. Bicustering algoritmen hebben het voordeel van het ontdekken van genen die coexpressed in een subset van de gemeten voorwaarden. Bicustering past bij de noodzaak voor ontdekking van de regelgeving modules, die van essentieel belang aanwijzingen voor het openbaren van regulerende netwerken bieden.

In dit onderzoek, enerzijds, onderzochten we hoe goed Preprocessen microarray data van verschillende experimenten, verschillende laboratoria of verschillende technieken ter verbetering van de vergelijkbaarheid van deze gegevens. We ontwierpen een Bioconductor pakket CALIB absolute expressie niveaus schatten uit twee kleuren microarray data met behulp van externe spikes. De methode voorkomt de Global Normalization Assumption waarop de meeste van normalisatie methoden vertrouwen en stelt het voordeel ten opzichte van log-ratio gebaseerde benaderingen. We ontwikkelden ook een microarray data analyse stroom die bijdraagt tot de kwaliteitsbeoordeling van microarray data, data normalisatie, de identificatie van differentieel tot expressie genen, clustering van de expressie profiel en de analyse van het cluster resultaten. Ten tweede, ontwikkelden we een nieuw bicustering model ProBic, die is gebaseerd op de Probabilistische relationele model kader. Een evaluatie van zowel synthetische en biologische gegevens illustreert de kracht van het model werkt als een query-gedreven bicustering model. Ten derde, bestudeerden we de invloed van het gebruik van verschillende microarray compendium normalisatie benaderingen over de resultaten van verschillende regelgevende algoritmen netwerk gevolgtrekking.

Tot slot concludeerde we de belangrijkste onderzoeks-resultaat van ons werk en stelde een vooruitzichten voor toekomstig onderzoek op dit gebied.