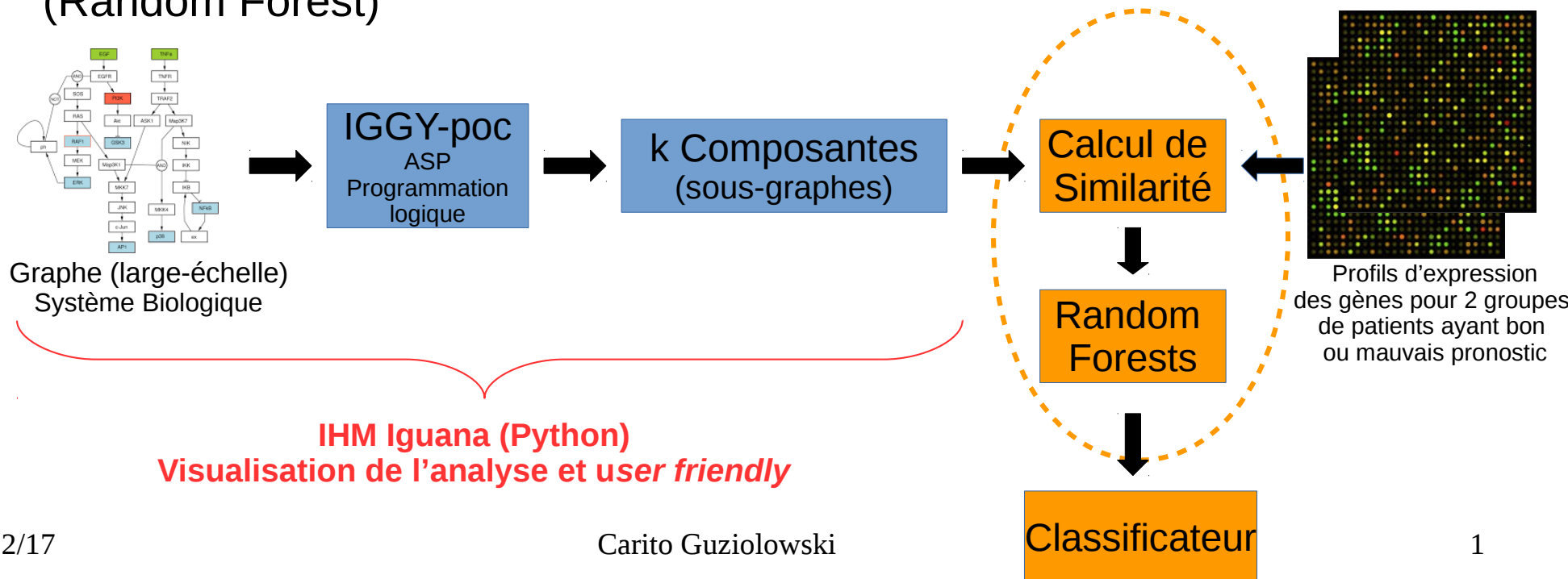


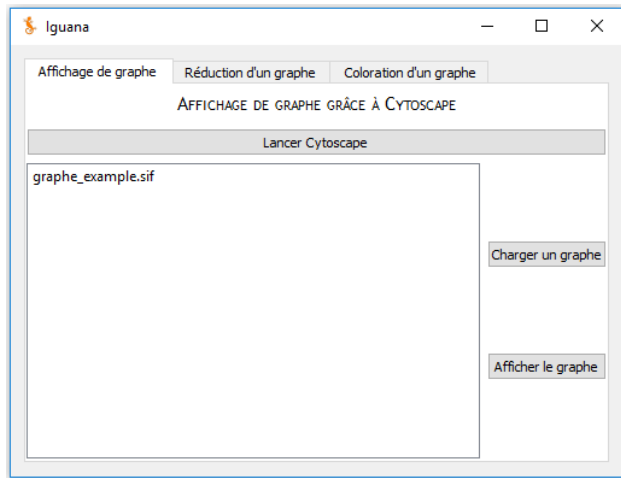
PGROU – Iguana

Goal : Développer une IHM pour classifier les patients atteints du cancer Myélome Multiple en bon vs. mauvais pronostic à partir de l'expression de ses gènes

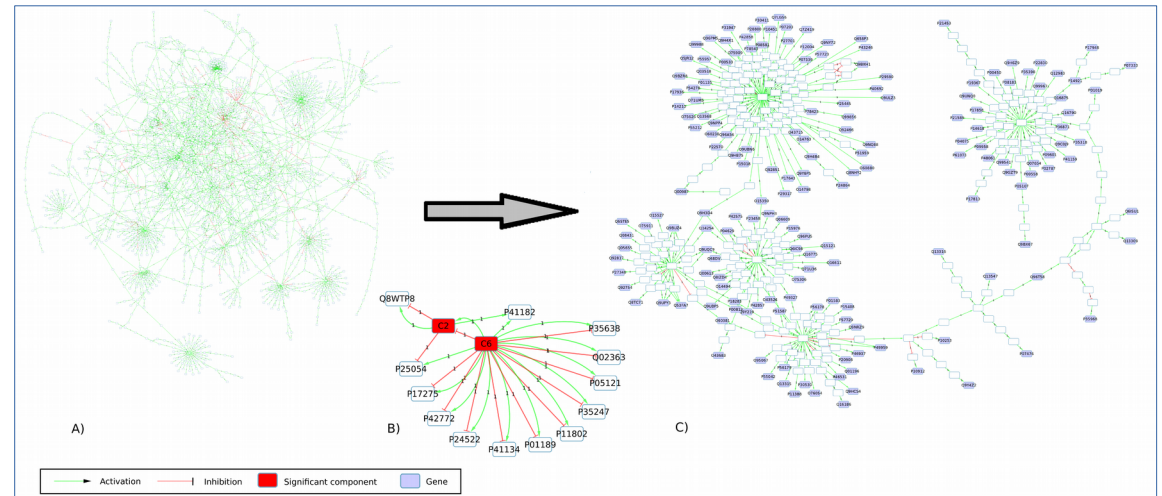
- Chemin proposé utilise des modèles des graphes (IA – ASP – formal concepts) pour extraire de composantes (sous-graphes) et grâce à elles construire des classificateurs avec les données de patients (Random Forest)



Quelques elements...



IHM **Iguana** (sous Windows) –
PAPPL : Pierre Le Jeune, Jules Paris



IGGY-POC : décomplexifier un graphe (A) en 15 composantes (B),
chaque une ayant des mécanismes qui impliquent les gènes (C)



Données du DREAM (Dialogue on reverse- engineering and methods)
<https://www.synapse.org/#!/Synapse:syn6187098>

Jeux des données d'apprentissage et de validation des patients atteints
du Myelome Multiple

Encadrants : Carito Guziolowski et Dr Bertrand Miannay

Questions : carito.guziolowski@ec-nantes.fr

