



El Departamento de Estadística del ITAM

anuncia la siguiente sesión de

EL SEMINARIO ALEATORIO

que con el título

**Semi-parametric Bayesian inference for high
throughput gene expression data**

Impartirá

**Peter Mueller
University of Texas**

RESUMEN

We review the use of semi-parametric mixture models for Bayesian inference in high throughput genomic data. We discuss three specific approaches for microarray data, for protein mass spectrometry experiments, and for SAGE data. For the microarray data and the protein mass spectrometry we assume group comparison experiments, i.e., experiments that seek to identify genes and proteins that are differentially expressed across two biologic conditions of interest. For the SAGE data example we consider inference for a single biologic sample. For all three applications we use flexible mixture models to implement inference. For the microarray data we define a Dirichlet process mixture of normal model. For the mass spectrometry data we introduce a mixture of Beta model. And the proposed inference for SAGE data is based on a semi-parametric mixture of Poisson distributions.

Fecha: Viernes 3 de Febrero

Hora: 12:50 hrs.

Salón: Sala de Videos 2 - 2º. Piso Biblioteca

Lista de seminarios próximos. Visite:

http://estadistica.itam.mx/seminarios_prox.html

El Seminario Aleatorio está destinado tanto a profesores como a estudiantes, por lo que el Departamento de Estadística agradece a los profesores que colaboren invitando a sus alumnos a estas sesiones.

María F. Rojano Agraz

ITAM

Depto. Académico de Estadística

Rio Hondo # 1,

Col. Tizapán San Angel

C.P. 01000 México, D. F.

Tel. 5628-4000 ext. 3803

Fax 5628-4086