

TD sur l'analyse modulaire de réponse

On considère un ensemble de huit régulateurs nucléaires hépatiques fonctionnant dans des cellules d'hépatome humain :

TCF1
TCF2
FOXA1
FOXA2
FOXA3
HNF4A
HNF4G
ONECUT1

Des expériences systématiques de RNAi donnent la matrice $R_p . dat$ qui contient les logarithmes naturels des réponses à des perturbations de chacun des huit régulateurs. On récupèrera la matrice $R_p . dat$ sur le dropbox du cours à <http://tinyurl.com/pkpl7ep>.

Pour ce TD on pourra utiliser Matlab :

1. Calculer la matrice des coefficients de réponse locaux. La sauver dans un fichier $r . dat$
2. Quelles sont les influences régulatrices les plus fortes, positives et négatives, que l'on peut déduire dans ce système ?
3. Sachant que l'écart-type de l'erreur sur les coefficients de réponse globaux est de 0.3, identifier les coefficients de réponse locaux significativement différents de 0 à 95% de confiance. On considèrera que l'erreur sur les coefficients de réponse globaux est Gaussienne.