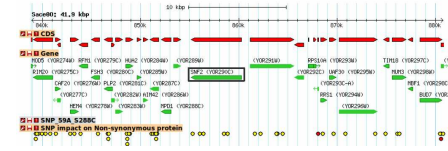
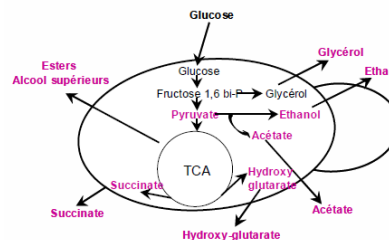
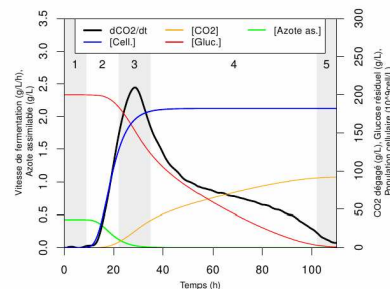
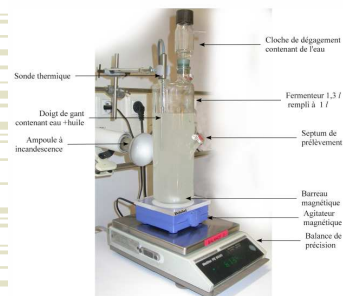


UMR SPO: Sciences pour l'Œnologie

- ◆ UMR composée de 2 équipes:
 - Polyphenols et leurs interactions
 - Microbiologie:
 - Physiologie de la levure (approche génomique et post-génomique sur la levure)
 - Maîtrise de la fermentation alcoolique (modélisation et contrôle du procédé fermentaire)

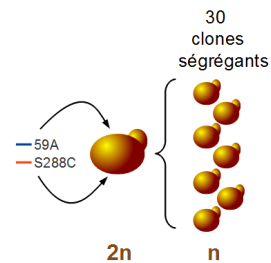
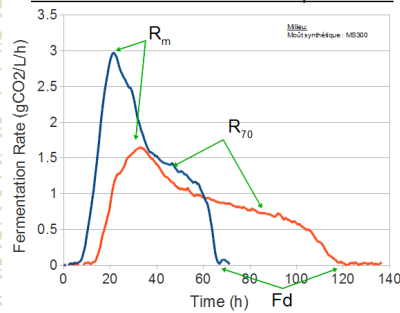


Analyses transcriptomiques


- ◆ Développement de programmes d'analyse de puces transcriptomiques mono- ou bi-couleur (Agilent)
 - Logiciel R
 - Package limma (qualité des lames, normalisation, modèle linéaire, correction de la multiplicité, graphs diagnostics)
 - Sweave
- ◆ Recherche d'outils d'interprétation et de visualisation des résultats:
 - Classification : Cluster V3.0 + Jtreeview
 - GO Annotation: GeneCodis3, FunSpec etc...
 - Voies métaboliques: Cytoscape, GenMAPP-CS, DAVID, GeneMania, KEGG,
 - Proteines-proteines interaction: Reporter Features
 - Facteurs de transcription: GeneCodis3...

Recherche QTL (1)

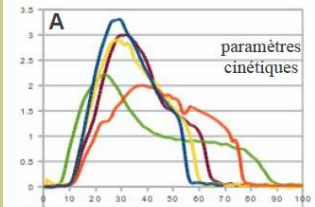
Profil fermentaire des souches parentales




Génotypage par
puce Affymetrix



Phénotypes
fermentaires



Transcriptome
fermentaire



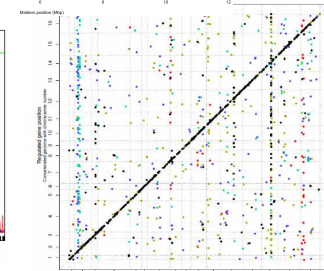
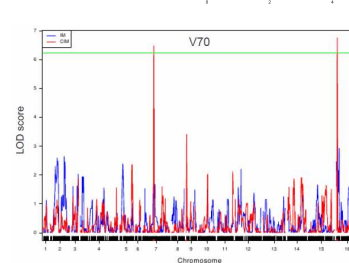
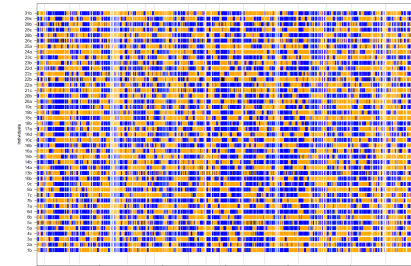
Description et analyse des paramètres
phénotypiques et d'expression

Carte de marqueurs génétiques

Recherche de QTL par Interval Mapping

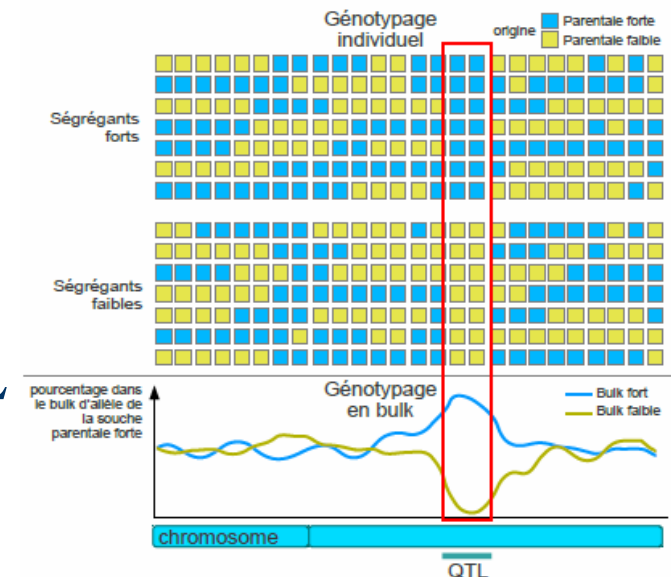


Packages: affy, limma, R/qtl, eqtl ...



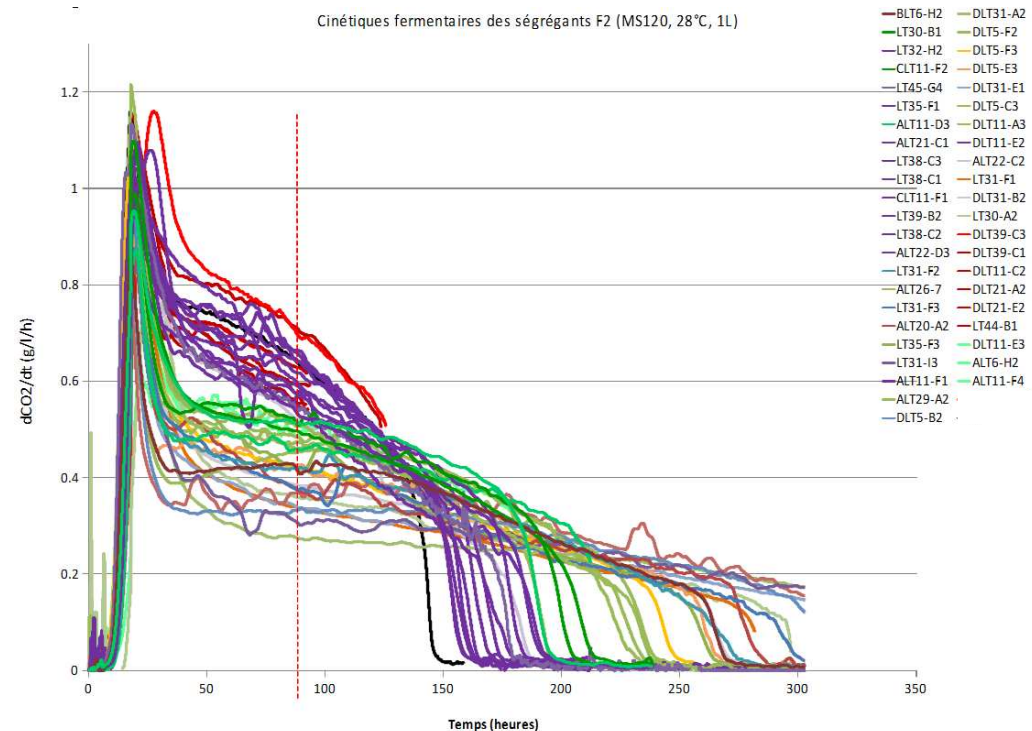
Recherche QTL (2)

- ◆ D'autres phénotypes peuvent être étudiés:
 - Courbes fermentaires
 - Métabolites extra-cellulaire
 - Données de flux
- ◆ Développement d'un programme d'analyse de Bulk (même principe de recherche de QTL en se focalisant sur les individus extrêmes de la population)



Cinétiques fermentaires

- ◆ Comparaison et/ou classification des courbes de cinétiques fermentaires
- ◆ Méthodes: nls, méthodes de lissage, k-means pour données longitudinales
- ◆ Packages: nlme, splines, gss, kml...

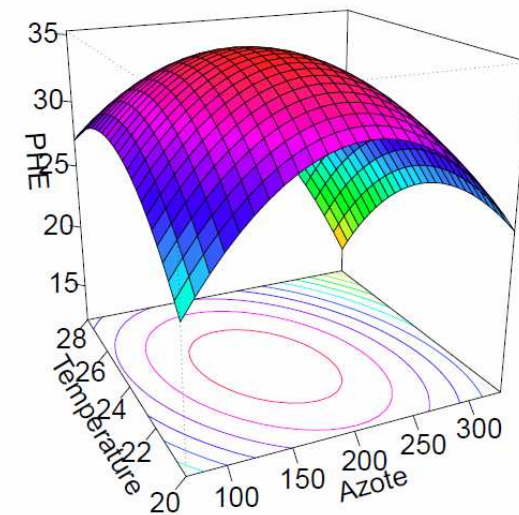


Analyse de données de grandes dimensions et hétérogènes

- ◆ Analyse de la variabilité de différentes souches de levures *Saccharomyces cerevisiae* provenant de différentes origines
- ◆ Lien avec l'analyse de leurs génomes
- ◆ Lien avec leurs métabolomes
- ◆ Méthodes de réduction de la dimension et d'apprentissage
 - ACP, LDA, PLS, PLS-DA, PLS sparse, PLS-DA sparse, forêts aléatoires...
 - Packages factominer, mixomics, randomForest...

Plans d'expérience RSM

- ◆ Plan en surface de réponse pour facteurs quantitatifs:
 - Plan Composite centré
 - Plan de Box-Benhken
- Pour problème d'optimisation
- ◆ Package rsm



Slice at Azote = 180.62, Temperature = 23.67



Groupe Statistique



- ◆ Réflexion sur les méthodes d'analyse statistique de données –omiques
- ◆ Bibliographie, comparaison de méthodes, de packages, étude de cas...