

Utiliser le logiciel R pour travailler avec des tableaux

A. Objectifs d'apprentissage visés

Suite de l'apprentissage de la programmation avec le logiciel R. Travail avec des variables de type « tableau », sélection de lignes et de colonne, fusion de tableaux différents, etc.

B. Exercices

-
- Pour les exercices suivants, vous devez importer le fichier contenant les profils d'expression de gènes « Mito_Genes.txt », en utilisant la commande suivante : `read.table(« Mito_Genes.txt », header = T, row.names = 1)`
-

➤ Exercice 1

Le fichier « Mito_Genes.txt » comportent les mesures d'expression d'un ensemble de gènes (information en lignes) au cours du temps (information en colonne). Combien de gènes sont présents dans ce tableau ? Combien de points de temps ont été réalisés ?

Fonction(s) à utiliser : `nrow()` ; `ncol()` ; `dim()`.

➤ Exercice 2

Pour chaque gène, calculer la valeur moyenne de son expression sur l'ensemble des points de temps¹. Les résultats sont rassemblés dans un vecteur nommé « vecMean ». Trouver les gènes pour lesquels la valeur moyenne obtenue est supérieure à 10. Sélectionner dans le tableau initial (Mito_Genes) les lignes associées à ces gènes. Exporter ce tableau dans un fichier texte nommé « Mito_Genes_Moy10.txt ».

Fonction(s) à utiliser : `mean()` ; `apply()` ; `names()` ; `write.table()`.

➤ Exercice 3

Modifier la solution de l'Exercice 2, afin de reproduire la sélection des gènes et l'écriture des résultats pour un seuil quelconque (nommé « T » dans le script R). Si le seuil T est fixé à 15, alors le fichier texte créé devra se nommer « Mito_Genes_Moy15.txt ».

Fonction(s) à utiliser : `mean()` ; `apply()` ; `names()` ; `write.table()` ; `paste0()`.

¹ Il est demandé pour cet exercice de ne pas faire de boucle.

➤ Exercice 4

Modifier la solution de l'Exercice 3, afin de créer automatiquement les fichiers de résultats associés à un ensemble de seuils T variant de 10 à 15 par pas de 1.

Fonction(s) à utiliser : `for()`.

➤ Exercice 5

Le fichier « Mito_Genes_2.txt » est une version modifiée du fichier « Mito_Genes.txt ». Des gènes ont été dupliqués par erreur et d'autres sont manquants. Importer ce fichier en utilisant la commande suivante : `read.table(« Mito_Genes.txt », header = T)`. Écrire un code R permettant de repérer les gènes dupliqués et les gènes manquants.

Fonction(s) à utiliser : `duplicated()` ; `row.names()` ; « %in% ».