Projet Analyse de Donnée

FERRERE HOAREAU Anthony et CALLIS Guilhem

2025-01-01

R Markdown

Chargement du jeux de donnée: Décrivez l'ensemble du jeu de données en précisant la nature des variables

```
## Le chargement a nécessité le package : ggplot2
```

```
## 'data.frame':    542 obs. of  39 variables:
##  $ T1_1H_R1: num  -0.205 -0.62 0.309 0.192 0.108 ...
##  $ T1_2H_R1: num  -0.689 -0.856 0.817 0.148 0.288 ...
##  $ T1_3H_R1: num  -0.1811 -0.0211 -0.5615 0.2424 -0.1975 ...
##  $ T1_4H_R1: num  -0.06657 -0.14456 0.18148 0.56182 -0.00155 ...
##  $ T1_5H_R1: num  0.5217 0.4934 -0.337 0.0453 -0.2274 ...
##  $ T1_6H_R1: num  0.448 0.454 -0.373 -0.635 -0.571 ...
##  $ T2_1H_R1: num  -0.449 -0.572 -0.209 0.526 0.34 ...
##  $ T2_2H_R1: num  -1.5144 -1.4755 -1.29 1.4315 -0.0468 ...
##  $ T2_3H_R1: num  -3.815 -3.079 -2.633 1.842 -0.327 ...
##  $ T2_4H_R1: num  -2.5 -2.22 -2.4 1.83 -0.47 ...
##  $ T2_5H_R1: num  -2.9144 -2.2659 -2.4397 1.9242 0.0153 ...
##  $ T2_6H_R1: num  -3.57 -3.36 -2.03 2.19 2.17 ...
##  $ T3_1H_R1: num  -0.6645 -0.5427 -0.2709 0.4127 -0.0402 ...
##  $ T3_2H_R1: num  -2.522 -2.281 -1.176 1.688 0.179 ...
##  $ T3_3H_R1: num  -1.797 -1.597 -3.018 1.812 -0.192 ...
##  $ T3_4H_R1: num  -2.967 -2.635 -2.953 1.868 -0.553 ...
##  $ T3_5H_R1: num  -2.99182 -2.42474 -2.96356 2.14249 -0.00553 ...
##  $ T3_6H_R1: num  -2.84 -2.54 -2.49 2.1 2.09 ...
##  $ T1_1H_R2: num  -0.25 -0.527 0.303 -0.234 -0.33 ...
##  $ T1_2H_R2: num  -0.2376 -0.3474 0.5477 -0.2899 0.0044 ...
##  $ T1_3H_R2: num  -0.741 -0.64 0.589 0.725 0.171 ...
##  $ T1_4H_R2: num  0.504 0.274 -0.908 -0.488 -0.53 ...
##  $ T1_5H_R2: num  0.355 0.347 -1.428 -0.289 -0.481 ...
##  $ T1_6H_R2: num  0.698 0.663 -0.699 -0.649 -0.714 ...
##  $ T2_1H_R2: num  -0.671 -0.67 0.163 0.272 -0.373 ...
##  $ T2_2H_R2: num  -2.489 -2.416 -2.307 1.47 -0.109 ...
##  $ T2_3H_R2: num  -2.4 -2.21 -2.32 1.83 0.13 ...
##  $ T2_4H_R2: num  -2.552 -2.198 -3.294 1.618 -0.453 ...
##  $ T2_5H_R2: num  -2.474 -2.238 -2.967 2.191 0.888 ...
##  $ T2_6H_R2: num  -3.14 -2.47 -3.18 2.19 2.18 ...
##  $ T3_1H_R2: num  -0.62 -0.842 -0.195 0.17 -0.446 ...
##  $ T3_2H_R2: num  -2.7064 -2.4478 -2.1068 1.5124 0.0384 ...
##  $ T3_3H_R2: num  -2.828 -2.552 -2.624 2.051 -0.111 ...
##  $ T3_4H_R2: num  -2.849 -2.484 -3.024 1.559 -0.222 ...
```

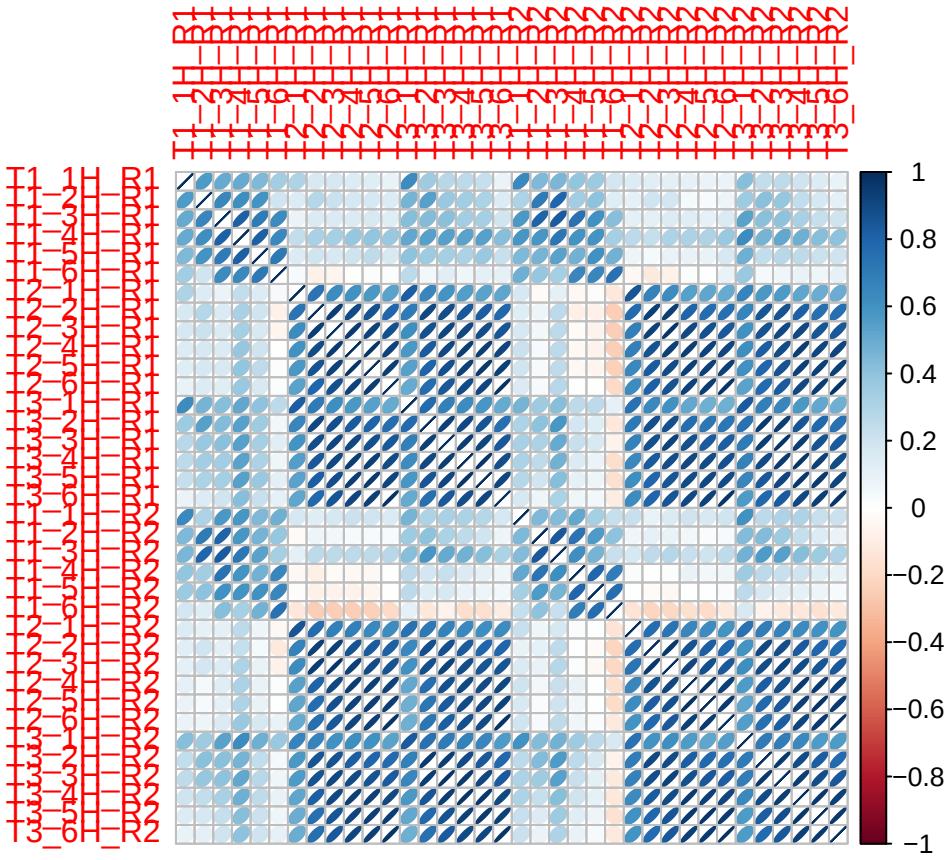
```
##  $ T3_5H_R2: num  -2.94 -2.46 -2.81 2.32 1.19 ...
##  $ T3_6H_R2: num  -3.39 -2.97 -2.7 2.16 1.95 ...
##  $ ExpT1   : chr  "Non" "Non" "Non" "Non" ...
##  $ ExpT2   : chr  "Sous" "Sous" "Sous" "Sur" ...
##  $ ExpT3   : chr  "Sous" "Sous" "Sous" "Sur" ...
```

```
##     T1_1H_R1           T1_2H_R1          T1_3H_R1           T1_4H_R1
##  Min.   :-3.58436   Min.   :-4.3034   Min.   :-2.26607   Min.   :-2.56731
##  1st Qu.:-0.22978   1st Qu.:-0.1404   1st Qu.:-0.28249   1st Qu.:-0.42895
##  Median :-0.03631   Median : 0.1420   Median :-0.05927   Median : 0.16867
##  Mean   :-0.02951   Mean   : 0.1767   Mean   : 0.04103   Mean   : 0.05281
##  3rd Qu.: 0.12204   3rd Qu.: 0.3904   3rd Qu.: 0.15839   3rd Qu.: 0.44483
##  Max.   : 5.06654   Max.   : 7.2821   Max.   : 6.61788   Max.   : 6.87671
##     T1_5H_R1           T1_6H_R1           T2_1H_R1           T2_2H_R1
##  Min.   :-5.5106   Min.   :-2.9759   Min.   :-4.30401   Min.   :-4.5825
##  1st Qu.:-0.4788   1st Qu.:-0.6124   1st Qu.:-0.43935   1st Qu.:-0.9932
##  Median :-0.1984   Median :-0.3724   Median : 0.13065   Median : 0.3289
##  Mean   :-0.1585   Mean   :-0.2416   Mean   : 0.06039   Mean   : 0.4714
##  3rd Qu.: 0.2077   3rd Qu.: 0.2413   3rd Qu.: 0.46011   3rd Qu.: 1.9464
##  Max.   : 5.8582   Max.   : 4.1009   Max.   : 8.66345   Max.   : 8.7483
##     T2_3H_R1           T2_4H_R1            T2_5H_R1           T2_6H_R1
##  Min.   :-6.6293   Min.   :-5.813548   Min.   :-5.8017   Min.   :-5.6784
##  1st Qu.:-2.0451   1st Qu.:-2.406108   1st Qu.:-2.4172   1st Qu.:-2.5552
##  Median : 0.3733   Median : 0.008421   Median : 0.7556   Median : 1.8857
##  Mean   : 0.3805   Mean   : 0.197409   Mean   : 0.1521   Mean   : 0.2313
##  3rd Qu.: 2.7644   3rd Qu.: 2.699218   3rd Qu.: 2.5236   3rd Qu.: 2.7235
##  Max.   : 8.9881   Max.   : 7.503939   Max.   : 7.0606   Max.   : 8.8815
##     T3_1H_R1           T3_2H_R1           T3_3H_R1           T3_4H_R1
##  Min.   :-2.9561   Min.   :-4.9884   Min.   :-5.8280   Min.   :-6.0789
##  1st Qu.:-0.4409   1st Qu.:-1.1066   1st Qu.:-1.5925   1st Qu.:-2.4930
##  Median : 0.1573   Median : 0.6914   Median : 0.9585   Median : 0.9982
##  Mean   : 0.1714   Mean   : 0.5878   Mean   : 0.6387   Mean   : 0.2736
##  3rd Qu.: 0.6673   3rd Qu.: 2.3016   3rd Qu.: 2.7533   3rd Qu.: 2.7854
##  Max.   : 8.6849   Max.   : 8.6560   Max.   : 8.0950   Max.   : 7.0103
##     T3_5H_R1          T3_6H_R1           T1_1H_R2           T1_2H_R2
##  Min.   :-6.910   Min.   :-4.7625   Min.   :-2.11580   Min.   :-2.75004
##  1st Qu.:-2.487   1st Qu.:-2.0911   1st Qu.:-0.28225   1st Qu.:-0.27271
##  Median : 1.156   Median : 1.8690   Median :-0.02432   Median :-0.04075
##  Mean   : 0.258   Mean   : 0.3913   Mean   :-0.04445   Mean   : 0.10717
##  3rd Qu.: 2.709   3rd Qu.: 2.4879   3rd Qu.: 0.15670   3rd Qu.: 0.25383
##  Max.   : 6.529   Max.   : 8.6398   Max.   : 4.70943   Max.   : 7.03638
##     T1_3H_R2           T1_4H_R2           T1_5H_R2           T1_6H_R2
##  Min.   :-3.2539   Min.   :-3.50770   Min.   :-3.3307   Min.   :-2.4863
##  1st Qu.:-0.1229   1st Qu.:-0.51001   1st Qu.:-0.6437   1st Qu.:-0.9686
##  Median : 0.2674   Median :-0.27091   Median :-0.3845   Median :-0.7215
##  Mean   : 0.3033   Mean   :-0.02457   Mean   :-0.2410   Mean   :-0.3082
##  3rd Qu.: 0.5068   3rd Qu.: 0.27652   3rd Qu.: 0.1442   3rd Qu.: 0.5814
##  Max.   : 7.1995   Max.   : 6.52284   Max.   : 5.2469   Max.   : 3.9054
##     T2_1H_R2           T2_2H_R2           T2_3H_R2           T2_4H_R2
##  Min.   :-2.38587   Min.   :-5.8266   Min.   :-4.6135   Min.   :-6.4553
##  1st Qu.:-0.48477   1st Qu.:-1.2309   1st Qu.:-1.4511   1st Qu.:-2.3416
##  Median : 0.03105   Median : 0.6644   Median : 0.5351   Median : 0.5323
##  Mean   : 0.08932   Mean   : 0.4684   Mean   : 0.5999   Mean   : 0.1279
##  3rd Qu.: 0.61495   3rd Qu.: 2.1298   3rd Qu.: 2.5954   3rd Qu.: 2.4618
```

```
##  Max.   : 8.59820   Max.   : 8.8928   Max.   : 8.4956   Max.   : 8.0010
##     T2_5H_R2          T2_6H_R2          T3_1H_R2          T3_2H_R2
##  Min.   :-6.1685   Min.   :-6.2234   Min.   :-3.22436   Min.   :-6.0944
##  1st Qu.:-2.4058   1st Qu.:-2.6251   1st Qu.:-0.61705   1st Qu.:-1.3567
##  Median : 1.0892   Median : 2.0014   Median : 0.07589   Median : 0.7670
##  Mean   : 0.1411   Mean   : 0.1572   Mean   : 0.11618   Mean   : 0.5725
##  3rd Qu.: 2.5033   3rd Qu.: 2.5375   3rd Qu.: 0.76673   3rd Qu.: 2.3150
##  Max.   : 7.4521   Max.   : 8.7777   Max.   : 8.77729   Max.   : 8.6354
##     T3_3H_R2          T3_4H_R2          T3_5H_R2          T3_6H_R2
##  Min.   :-6.0135   Min.   :-6.0345   Min.   :-6.8294   Min.   :-7.24672
##  1st Qu.:-1.8079   1st Qu.:-2.2277   1st Qu.:-2.5646   1st Qu.:-2.80051
##  Median : 1.1183   Median : 1.1769   Median : 1.6539   Median : 1.92082
##  Mean   : 0.5828   Mean   : 0.3157   Mean   : 0.1338   Mean   : 0.05484
##  3rd Qu.: 2.8892   3rd Qu.: 2.6455   3rd Qu.: 2.5664   3rd Qu.: 2.46450
##  Max.   : 8.2637   Max.   : 7.4777   Max.   : 6.9137   Max.   : 8.69285
##   ExpT1       ExpT2       ExpT3
##  Non :441   Non : 11   Non :  7
##  Sous: 57   Sous:247   Sous:247
##  Sur : 44   Sur :284   Sur :288
##
##
##
```

```
## Le chargement a nécessité le package : corrplot
```

```
## corrplot 0.95 loaded
```

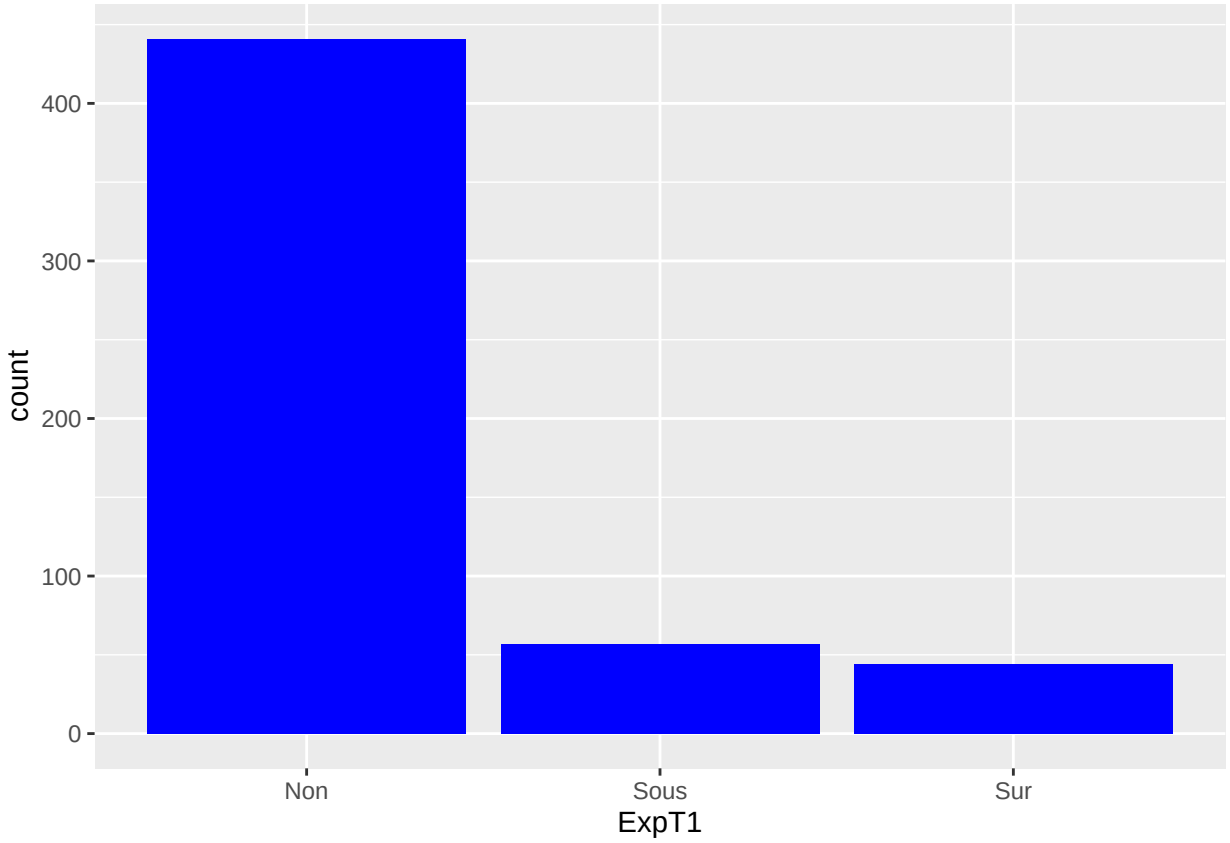


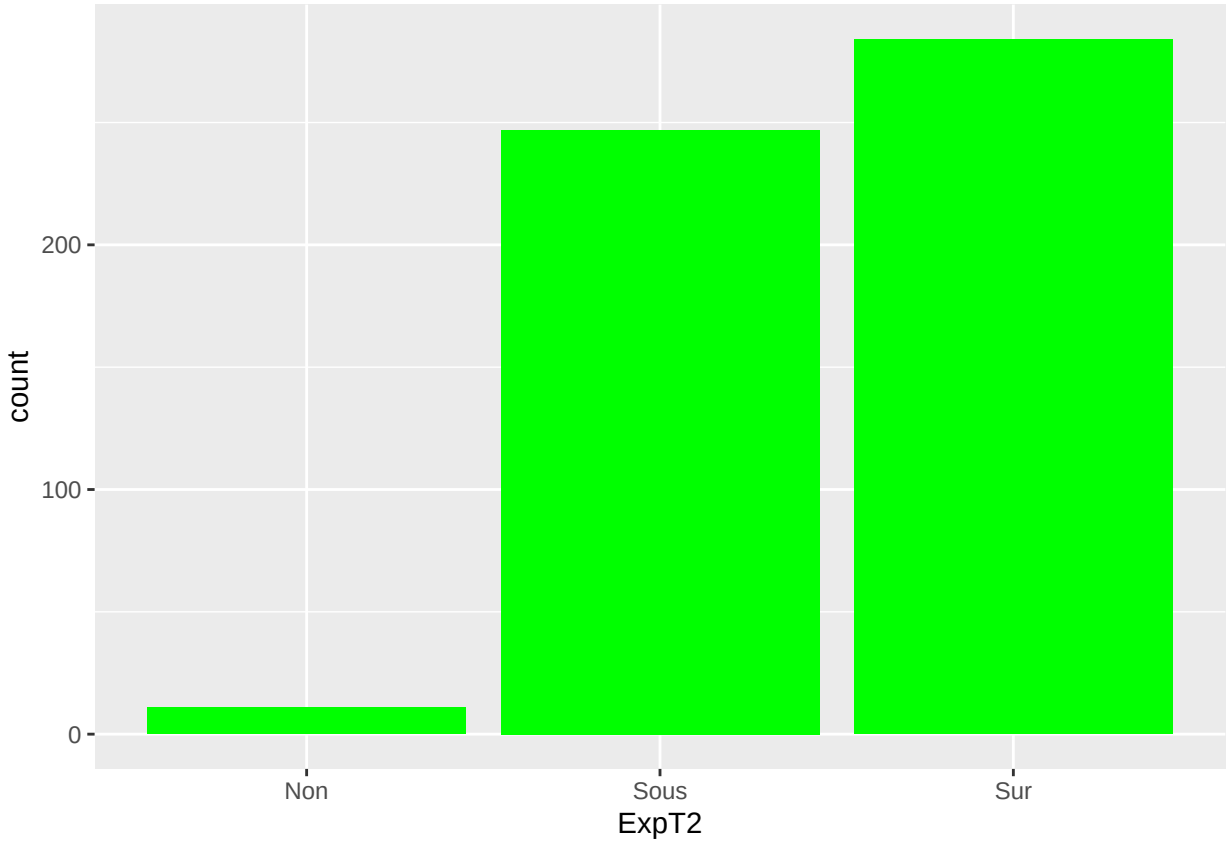
Faites une analyse uni-dimensionnelle et bi-dimensionnelle du jeu de données. Certaines variables sont-elles liées ? Une attention particulière sera portée sur le choix des représentations, et sur l'interprétation des résultats présentés. (Voilà ce que j'ai fais pour l'analyse uni-dimensionnelle. Je vais essayer de tout regrouper dans un seul graphe (je n'y arrive pas pour l'instant mais je vais continuer à essayer))

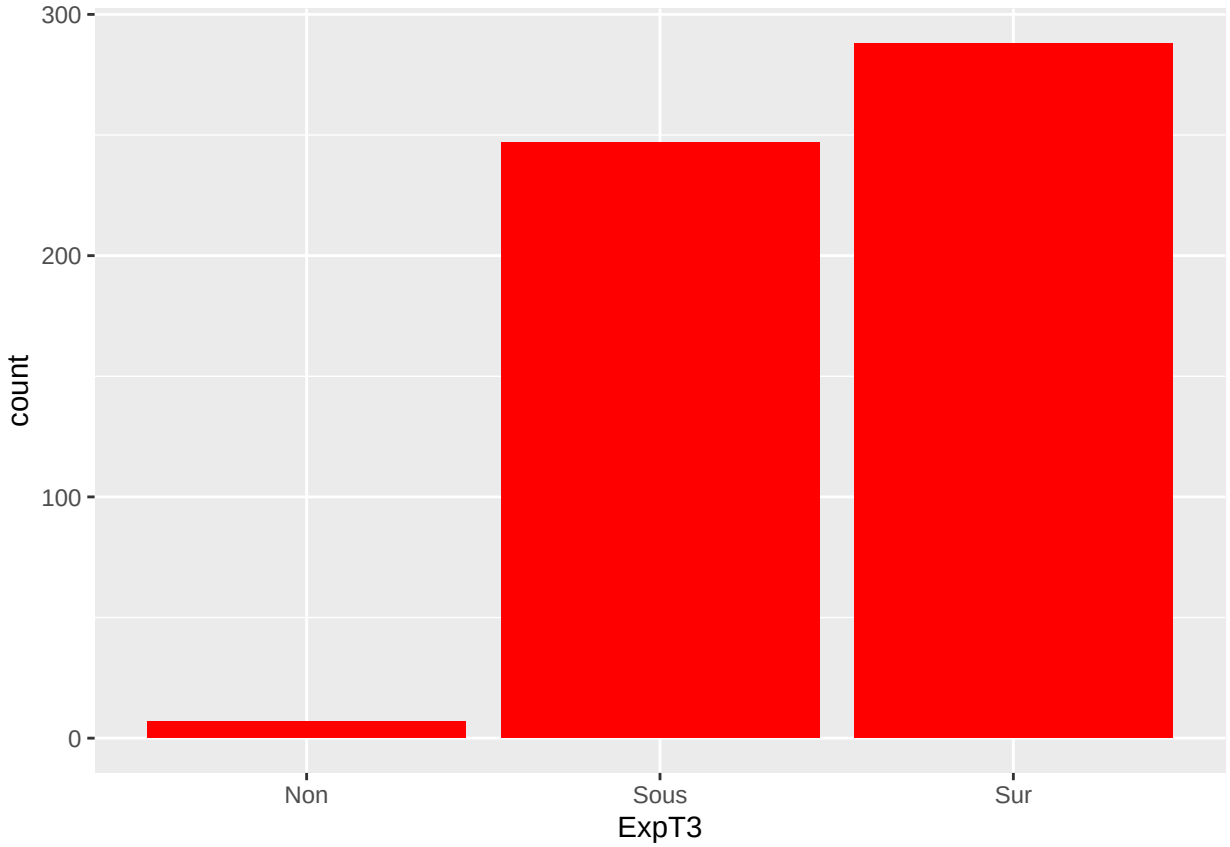
```
## Le chargement a nécessité le package : grid
```

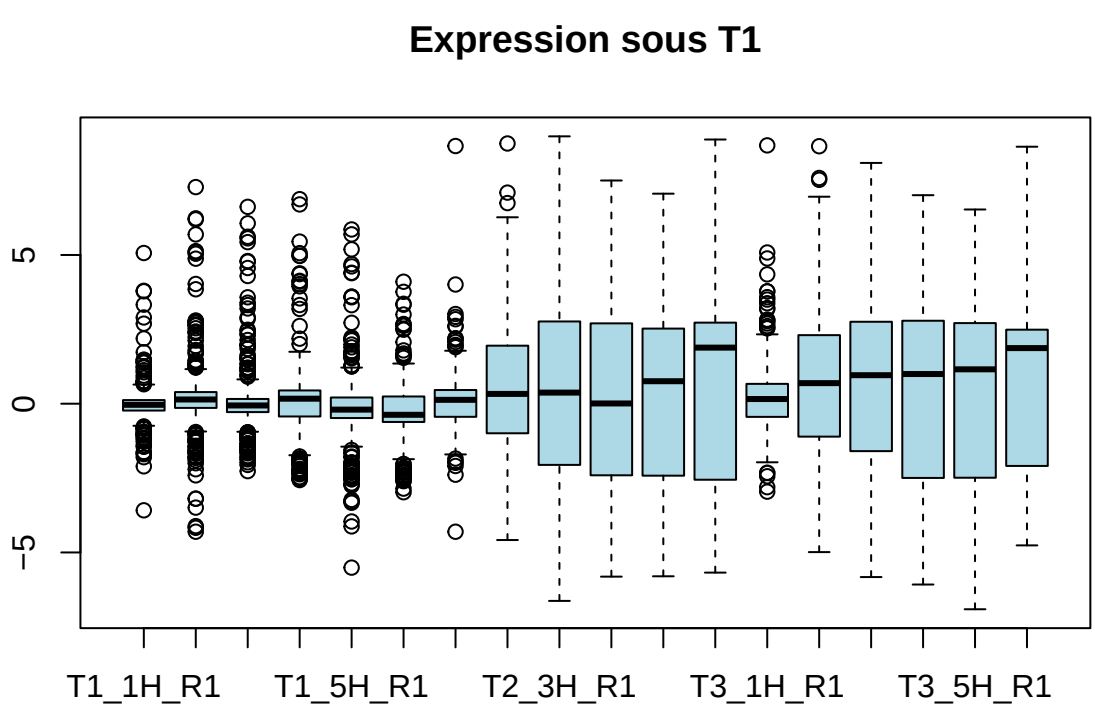
```
## Le chargement a nécessité le package : gridExtra
```

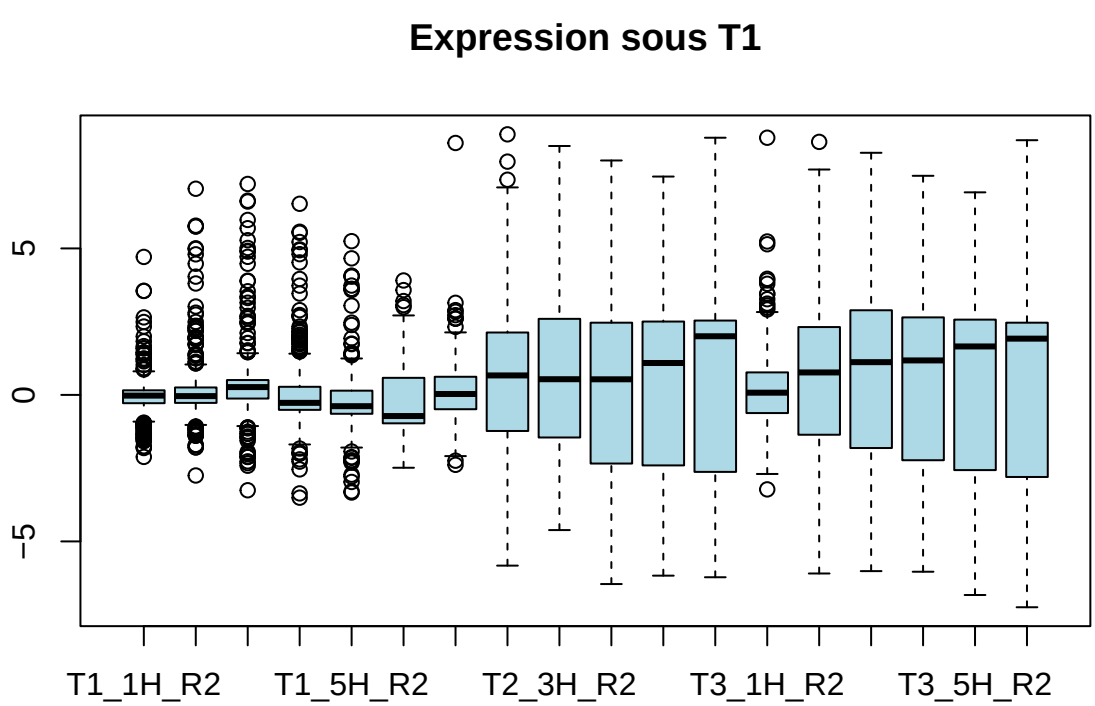
```
## Le chargement a nécessité le package : lattice
```




count
200
100
0
Non
Sous
Sur
ExpT2


300
200
100
0
count
Non
Sous
Sur
ExpT3


Expression sous T1
5
0
−5
T1_1H_R1
T1_5H_R1
T2_3H_R1
T3_1H_R1
T3_5H_R1



Interprétation des Résultats (analyse uni-dimensionnelle): À la suite de cette analyse, plusieurs observations et conclusions peuvent être tirées sur les relations entre les variables : (on rappelle que T3 est une combinaison de T1 et T2, indiqué dans le sujet.) En ce qui concerne l'analyse Uni-dimensionnelle sur les variables qualitatives, les fréquences des gènes classés comme surexprimés, sous-exprimés et non exprimés sont globalement similaires pour ExpT2 et ExpT3. Cela peut s'expliquer par le fait que T3 est une combinaison de T1 et T2, ce qui entraîne des distributions proches. En revanche, ExpT1 se distingue clairement des deux autres, la majorité des gènes dans ExpT1 sont non exprimés, ce qui contraste avec les répartitions plus équilibrées observées pour ExpT2 et ExpT3. Cette observation suggère que le traitement T1 induit très peu de changements dans l'expression des gènes en réponse à un traitement.

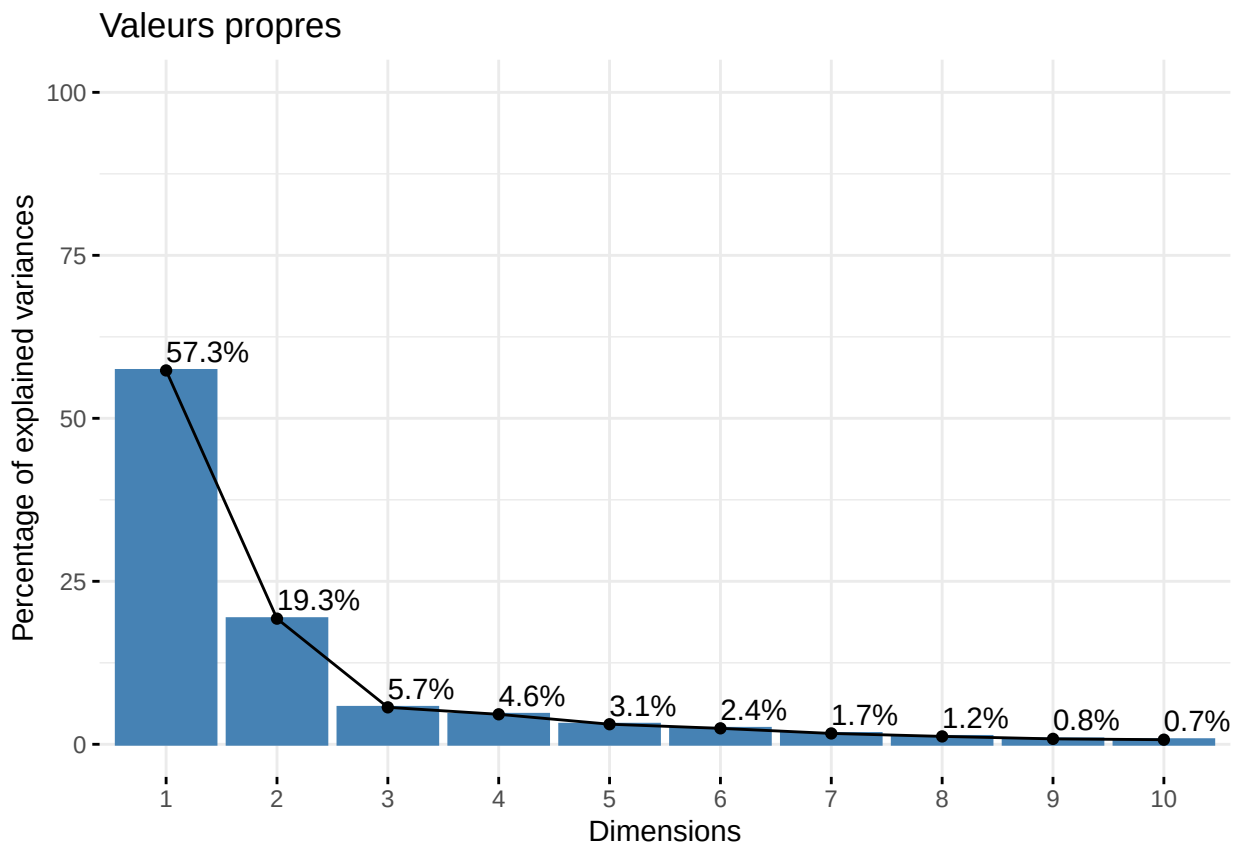
Pour les variables quantitatives, on remarque plusieurs choses. Premièrement, on remarque que les distributions des valeurs d'expression pour R1 et R2 sont remarquablement similaires. Cela indique une bonne reproductibilité biologique entre les réplicats. La cohérence entre R1 et R2 valide la qualité des données et leur fiabilité pour les analyses ultérieures. Pour les traitements, T2 et T3 sont fortement liés, leurs médianes, leurs intervalles interquartiles sont très similaires. Cela renforce l'idée que T3, étant une combinaison de T1 et T2, hérite principalement des caractéristiques de T2. Cependant, les colonnes T2_1H_R1/R2 et T3_1H_R1/R2 présentent un grand nombre de valeurs aberrantes (outliers), ce qui peut indiquer des réponses génétiques atypiques à 1 heure pour ces traitements. Les intervalles interquartiles pour T1 sont beaucoup plus petits, suggérant que les données pour ce traitement sont plus concentrées autour de la médiane. Toutefois, T1 présente également de nombreux outliers, en plus grand nombre que pour T2 ou T3, ce qui peut indiquer des comportements génétiques spécifiques ou une variabilité accrue pour certains gènes sous ce traitement.

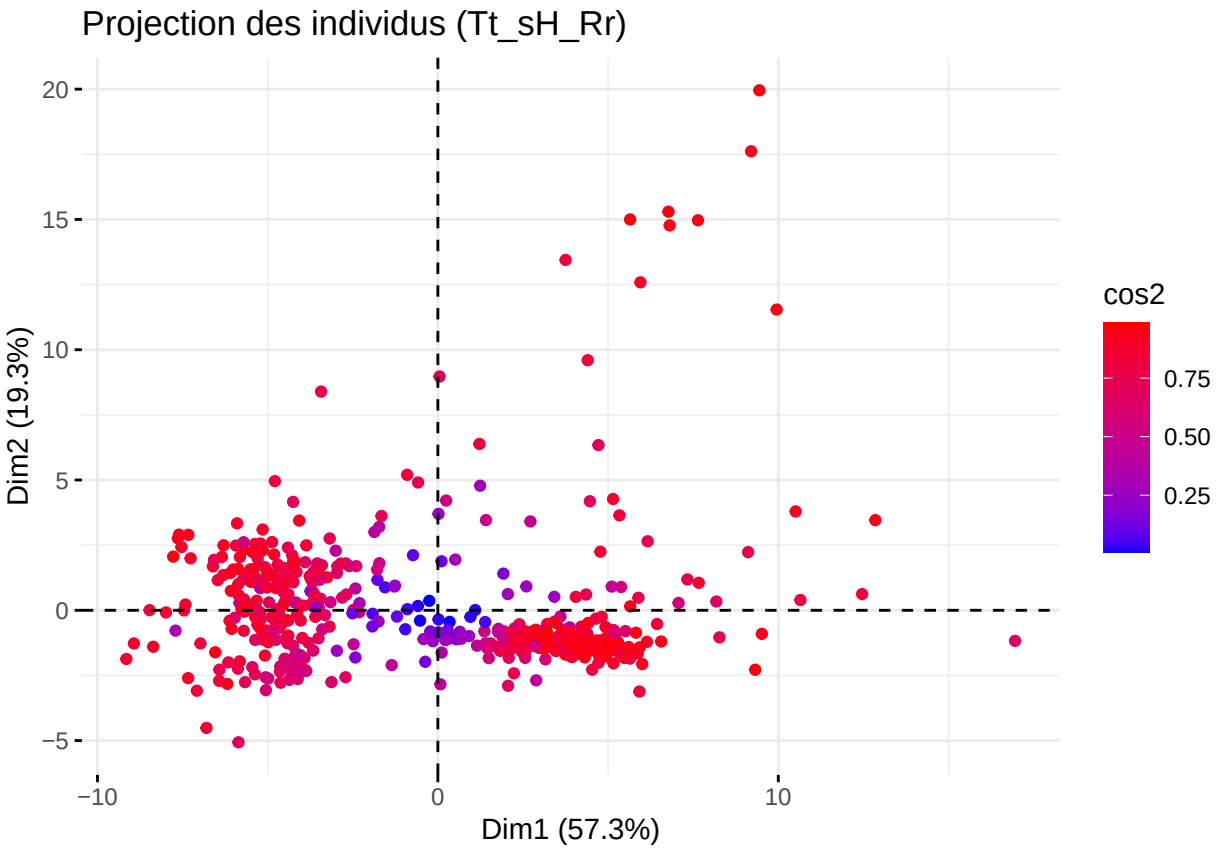
A présent, passons à l'analyse Bi-dimensionnelle ...

De manière générale, les variables sont fortement corrélées, ce qui implique qu'une forte réduction des dimensions est attendue.

Menez une analyse en composantes principales où les Tt sH Rr sont les individus d´ecrits par les gènes.

```
## Le chargement a nécessité le package : FactoMineR

## Le chargement a nécessité le package : factoextra

## Welcome! Want to learn more? See two factoextra-related books at https://goo.gl/ve3WBa

##           eigenvalue percentage of variance cumulative percentage of variance
## comp 1  20.643727183            57.34368662                           57.34369
## comp 2   6.938281435            19.27300398                           76.61669
## comp 3   2.041274447             5.67020680                           82.28690
## comp 4   1.656135505             4.60037640                           86.88727
## comp 5   1.109348959             3.08152489                           89.96880
## comp 6   0.881791877             2.44942188                           92.41822
## comp 7   0.599431245             1.66508679                           94.08331
## comp 8   0.436409980             1.21224994                           95.29556
## comp 9   0.300326182             0.83423939                           96.12980
## comp 10  0.254557652             0.70710459                           96.83690
## comp 11  0.195646575             0.54346271                           97.38036
## comp 12  0.114623243             0.31839790                           97.69876
## comp 13  0.113438274             0.31510632                           98.01387
## comp 14  0.098934866             0.27481907                           98.28869
## comp 15  0.084015374             0.23337604                           98.52206
## comp 16  0.075403512             0.20945420                           98.73152
## comp 17  0.068914101             0.19142806                           98.92295
## comp 18  0.060357899             0.16766083                           99.09061
## comp 19  0.056624240             0.15728956                           99.24790
## comp 20  0.045538131             0.12649481                           99.37439
## comp 21  0.037080890             0.10300247                           99.47739
## comp 22  0.032099053             0.08916404                           99.56656
## comp 23  0.026356683             0.07321301                           99.63977
## comp 24  0.021809019             0.06058061                           99.70035
## comp 25  0.015239265             0.04233129                           99.74268
## comp 26  0.014299054             0.03971959                           99.78240
## comp 27  0.011721521             0.03255978                           99.81496
## comp 28  0.010954844             0.03043012                           99.84539
## comp 29  0.009729805             0.02702724                           99.87242
## comp 30  0.009492364             0.02636768                           99.89879
## comp 31  0.008089909             0.02247197                           99.92126
## comp 32  0.006904142             0.01917817                           99.94044
## comp 33  0.006571646             0.01825457                           99.95869
## comp 34  0.005669160             0.01574767                           99.97444
## comp 35  0.004995223             0.01387562                           99.98831
## comp 36  0.004206745             0.01168540                          100.00000
```


Valeurs propres
Percentage of explained variances
100
75
50
25
0
57.3%
19.3%
5.7%
4.6%
3.1%
2.4%
1.7%
1.2%
0.8%
0.7%
1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
Dimensions



Interprétation des Résultats :

En premier lieu, lorsqu'on regarde notre graphe des valeurs propres, on remarque bien que les 2 premières dimensions représentent environ 80% de la variance, ces deux dimensions sont alors suffisantes pour résumer les données. Il ne faut pas oublier pour la suite que la dimension 1 (71,1%) a beaucoup plus "d'information" que la dimension 2 (10,5%). Chaque point sur notre ACP correspond à une colonne Tt_sH_Rr et donc aux variables.

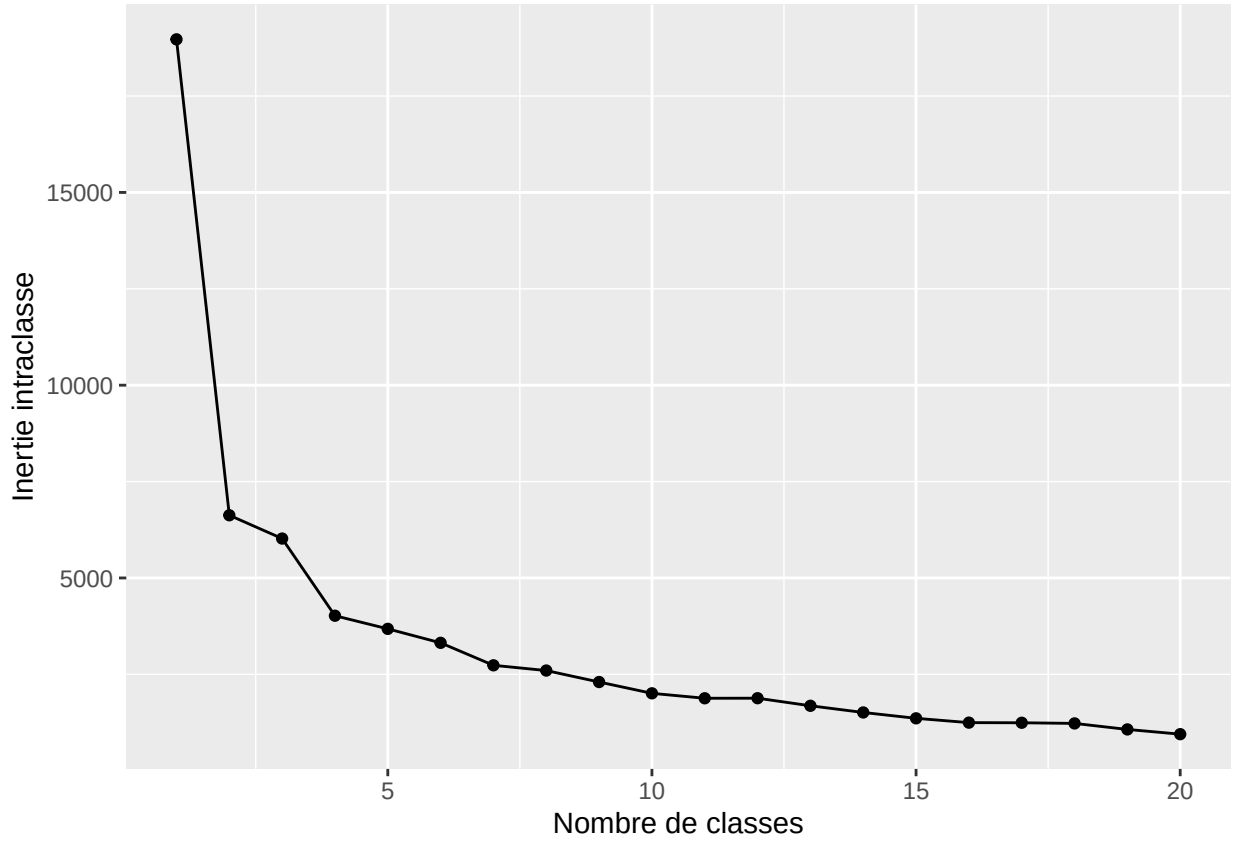
Nous avons pris la décision de ne pas analyser le graphe des variables car trop de gènes pour l'analyser et tirer des conclusions correctes. Il est alors compliqué d'étudier la contribution des gènes. On ne peut pas résumer le nuage de points à l'aide de deux méta-variables dans ce cas précis.

Cependant, il reste possible d'étudier la contribution relative des individus. Les individus les plus "intéressants" sont ceux qui sont les plus éloignés de l'individu moyen et ceux dont la contribbution à la dispersion est la plus importante. Ici, on remarque que la variable la plus intéressante est T1_6H_R2. Elle est éloignée du centre, indiquant une réponse atypique ou spécifique par rapport aux autres combinaisons traitement-heure-réplicat et sa position dans l'espace principal suggère qu'elle joue un rôle important dans la variation observée dans les données.

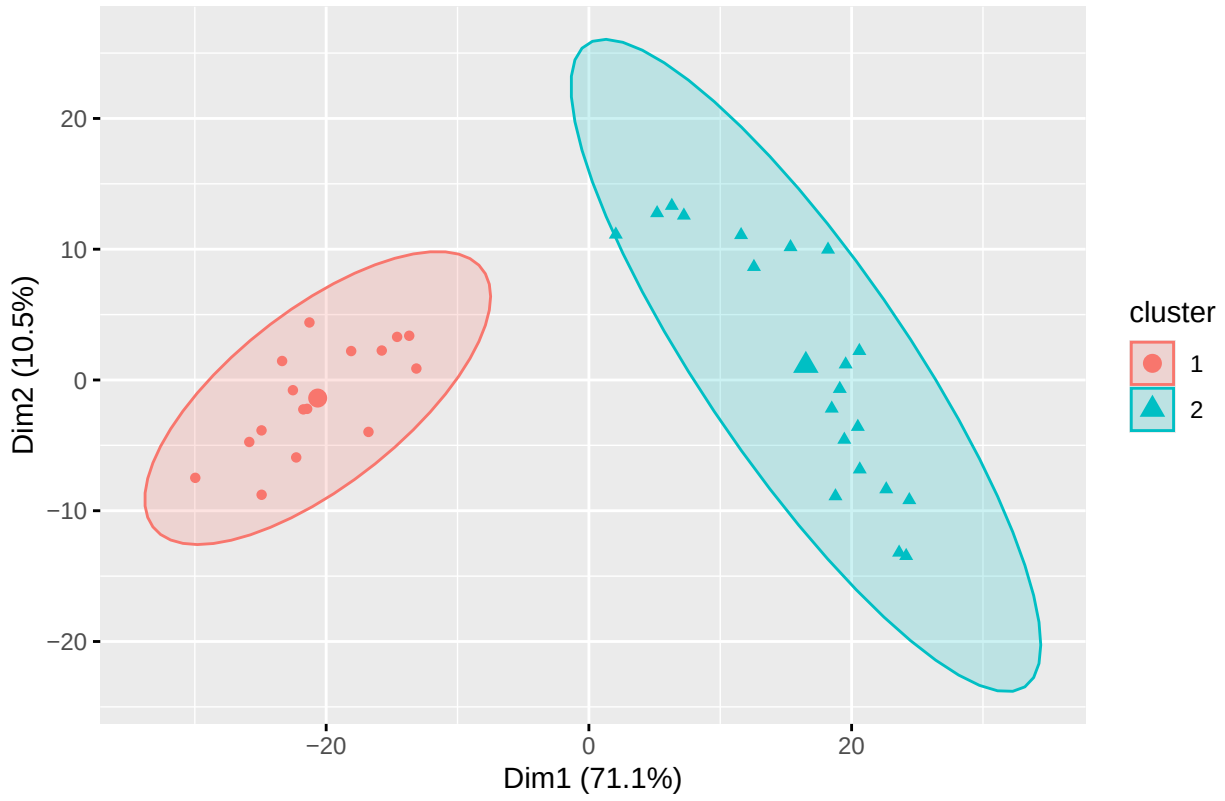
Faites une classification non supervisée (clustering) de ces données afin de regrouper les Tt sH Rr. en plusieurs classes homog'enes.

```
if (!require("forcats")) install.packages("forcats")
if (!require("ggplot2")) install.packages("ggplot2")
if (!require("corrplot")) install.packages("corrplot")
if (!require("FactoMineR")) install.packages("FactoMineR")
if (!require("factoextra")) install.packages("factoextra")
if (!require("mclust")) install.packages("mclust")
if (!require("cluster")) install.packages("cluster")
```

```r
if (!require("ppclust")) install.packages("ppclust")
if (!require("circlize")) install.packages("circlize")
if (!require("ggalluvial")) install.packages("ggalluvial")
library(forcats)
library(ggplot2)
library(corrplot)
library(reshape2)

library(FactoMineR)
library(factoextra)

library(mclust)
library(cluster)
library(ppclust)

library(circlize)
library(ggalluvial)

# Maintenant que l'ACP a été effectuée, on fait un clustering des classes à l'aide de la méthode K-mean

# Avant de débuter le clustering avec la méthode K-means, il faut déterminer le nombre de classes.

Kmax<-20
reskmeanscl<-matrix(0,nrow=nrow(DataBio),ncol=Kmax-1)
Iintra<-NULL
for (k in 1:Kmax){
  resaux<-kmeans(DataBioCR,centers=k)
  reskmeanscl<-resaux$cluster #pourquoi le [,k-1] ?
  Iintra<-c(Iintra,resaux$tot.withinss) # tot.withinss correspond à la somme des composantes au carré d
}

df<-data.frame(K=1:20,Iintra=Iintra)
ggplot(df,aes(x=K,y=Iintra))+
  geom_line()+
  geom_point()+
  xlab("Nombre de classes")+
  ylab("Inertie intraclasse")
```




```
# Avec cette méthode, on dirait que le coude correspond lorsque le nombre de classes est de 2.
# On va alors utiliser 2 classes pour la méthode des K-means.

reskmeans<-kmeans(DataBioCR,centers = 2)
fviz_cluster(reskmeans,data=Tt_sH_Rr,
             ellipse.type="norm",labelsize=8,
             geom=c("point"))+ggtitle("")
```




```
#fviz_pca_ind(resacp,col.ind=as.factor(reskmeans$cluster),geom = c("point"),axes=c(1,2))

# A présent, on va essayer une autre méthode, la méthode hiérarchique.

# D'une part, on fait le calcul de la matrice de distances
dist_matrix <- dist(DataBioCR, method = "euclidean")
# Clustering hiérarchique avec la méthode de liaison "ward.D2", on peut aussi faire avec "single", "com
hc <- hclust(dist_matrix, method = "ward.D2")
# Afficher le dendrogramme
fviz_dend(hc,k=2,show_labels = FALSE,
rect = TRUE, rect_fill = TRUE,palette = "npg",
rect_border = "npg",
labels_track_height = 0.8)+ggtitle("")
```


```
# (Le temps de chargement est plutôt long, C'est NORMAL)
```

Interprétation du Clustering : En premier lieu, on remarque que nos 2 Clustering (avec méthode K-means et méthode hiérarchique) nous donnent les même résultats, on obtient les mêmes groupes avec le même nombre d'individus pour les 2 clustering. Pour le Clustering avec la méthode des K-means, on remarque que les clusters sont bien séparés, on peut en déduire que les groupes d'individus sont nettement différents.

Préliminairement, construisez un jeu de données DataExpMoy contenant la moyenne des expressions sur les réplicats de chaque g'ene, pour chaque traitement et chaque heure. DataExpMoy est donc une matrice de taille G $\times$ 18. Vous pourrez utiliser les variables ExpT1, ExpT2 et ExpT3 pour commenter vos résultats des questions suivantes.

Menez une analyse en composantes principales pour les gènes à partir du jeu de données DataExpMoy.

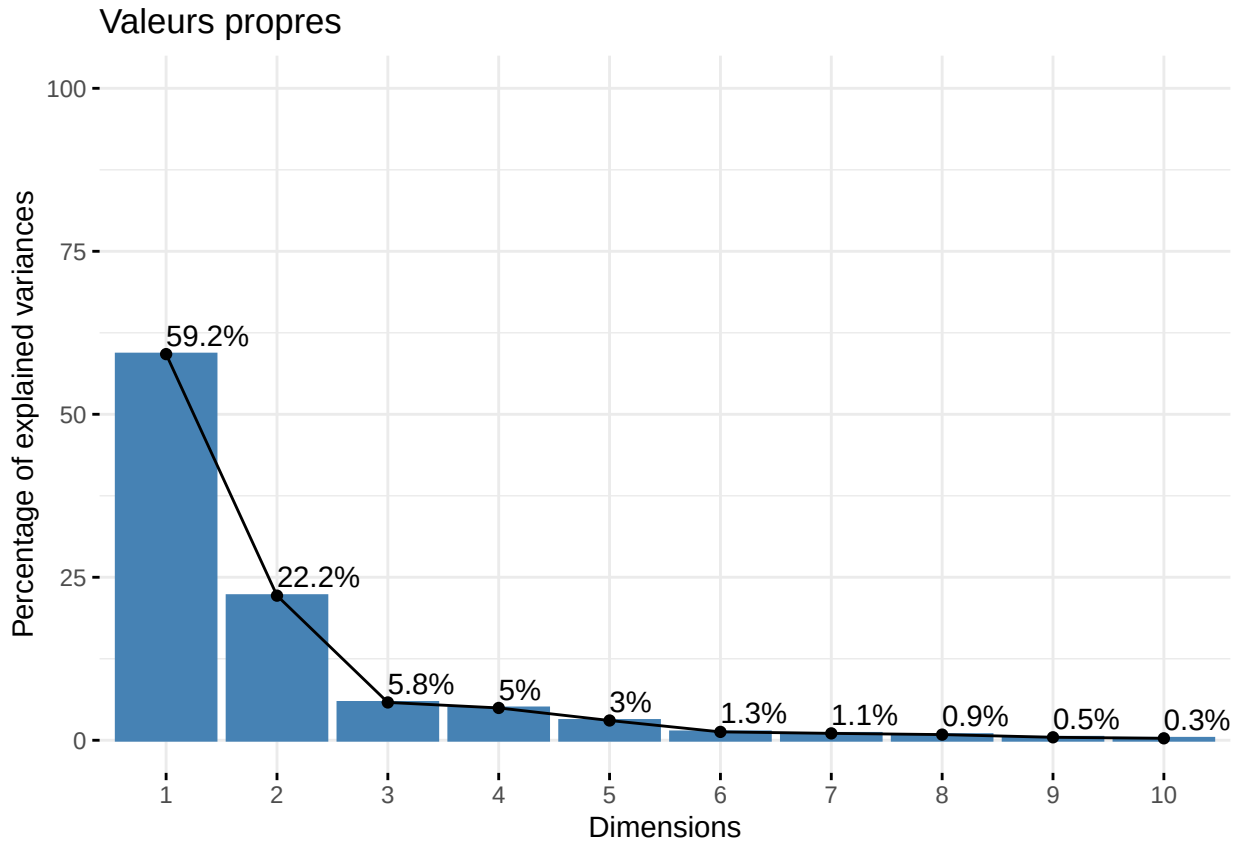
```
## [1] 542  18
```

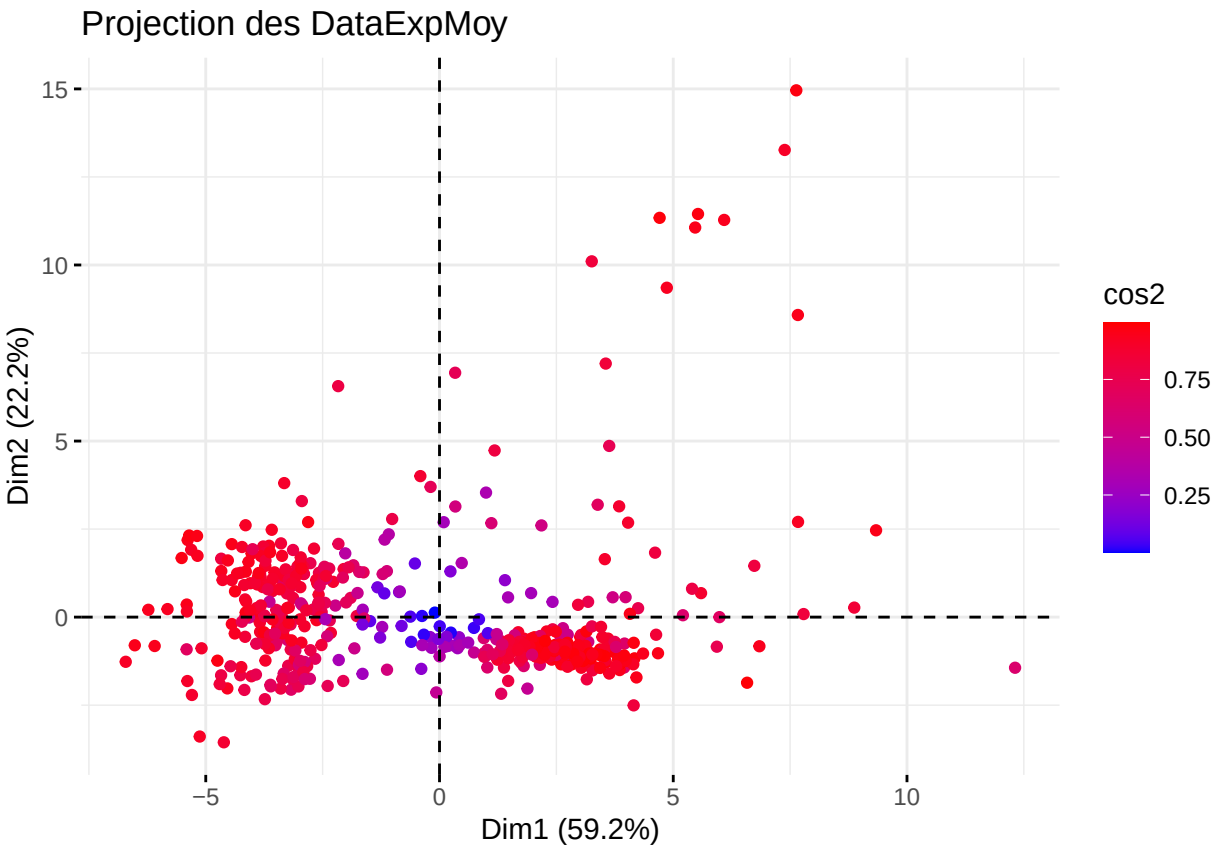
```
## Warning in mean.default(DataExpMoy_full[DataExpMoy_full$ExpT1 == "Sur", :
## l'argument n'est ni numérique, ni logique : renvoi de NA
```

```
## [1] NA
```

```
##           eigenvalue percentage of variance cumulative percentage of variance
## comp 1  10.661647702            59.23137612                           59.23138
## comp 2   3.992763404            22.18201891                           81.41340
## comp 3   1.044273066             5.80151703                           87.21491
```

```
## comp 4   0.892464409          4.95813561          92.17305
## comp 5   0.546150817          3.03417120          95.20722
## comp 6   0.231196720          1.28442622          96.49165
## comp 7   0.190280147          1.05711193          97.54876
## comp 8   0.156124760          0.86735978          98.41612
## comp 9   0.082022025          0.45567791          98.87179
## comp 10  0.053967172          0.29981762          99.17161
## comp 11  0.051951876          0.28862154          99.46023
## comp 12  0.044218807          0.24566004          99.70589
## comp 13  0.020421154          0.11345086          99.81934
## comp 14  0.011863903          0.06591057          99.88526
## comp 15  0.007317432          0.04065240          99.92591
## comp 16  0.005444702          0.03024834          99.95616
## comp 17  0.004849689          0.02694272          99.98310
## comp 18  0.003042215          0.01690120         100.00000
```





Interprétation des Résultats :

En premier lieu, lorsqu'on regarde notre graphe des valeurs propres, on remarque bien que les 2 premières dimensions représentent environ 81-82% de la variance, ces deux dimensions sont alors suffisantes pour résumer les données.

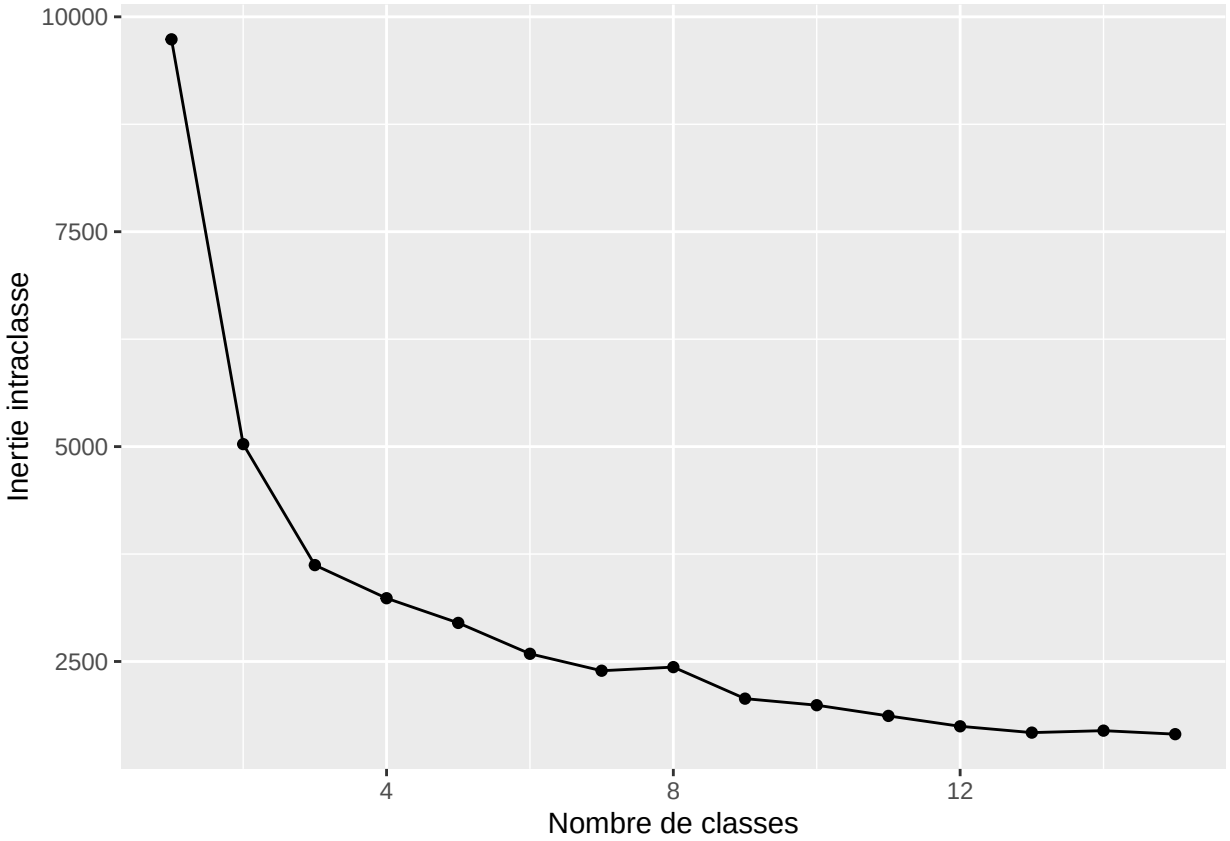
Chaque point sur notre ACP correspond à un gène.

Dans ce cas, il est très pertinant d'analyser le graphe des variables car le graphe semble plus lisible et semble apporter des informations pertinantes. On remarque quelque chose de très intéressant notamment à l'aide de la deuxième meta-variable. D'après le graphe, on a l'impression que cet axe mesure l'appartenance d'un gène à un traitement. On remarque que les valeurs positives correspondent au traitement 1, les valeurs négatives au traitement 2 et les valeurs positives proches ou égal à 0 sont les gènes du traitement 3. (pas terminé)

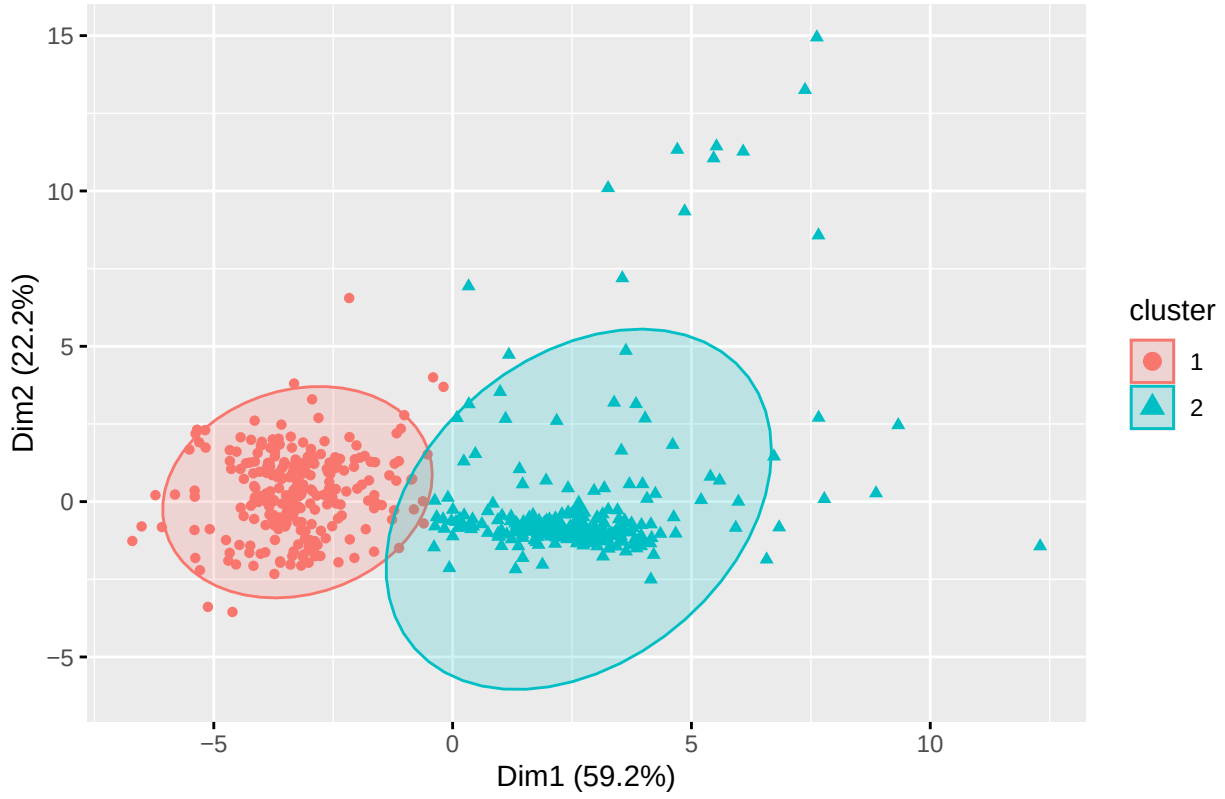
Faites une classification non supervisée (clustering) des gènes à partir de leur expression (DataExpMoy) afin d'obtenir des classes de gènes homogènes (ayant la même évolution d'expression).

```
if (!require("forcats")) install.packages("forcats")
if (!require("ggplot2")) install.packages("ggplot2")
if (!require("corrplot")) install.packages("corrplot")
if (!require("FactoMineR")) install.packages("FactoMineR")
if (!require("factoextra")) install.packages("factoextra")
if (!require("mclust")) install.packages("mclust")
if (!require("cluster")) install.packages("cluster")
if (!require("ppclust")) install.packages("ppclust")
if (!require("circlize")) install.packages("circlize")
if (!require("ggalluvial")) install.packages("ggalluvial")
library(forcats)
```

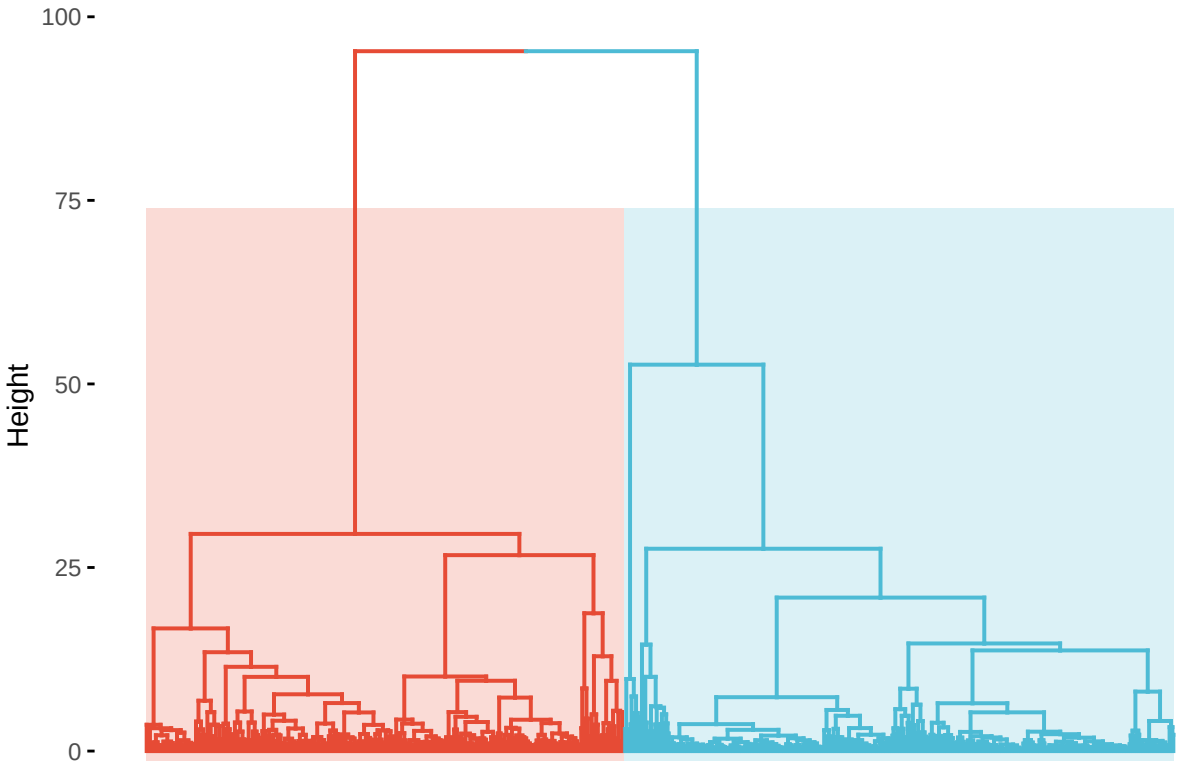
```r
library(ggplot2)
library(corrplot)
library(reshape2)

library(FactoMineR)
library(factoextra)

library(mclust)
library(cluster)
library(ppclust)

library(circlize)
library(ggalluvial)

# Maintenant que l'ACP a été effectuée, on fait un clustering des classes à l'aide de la méthode K-mean

# Avant de débuter le clustering avec la méthode K-means, il faut déterminer le nombre de classes.

Kmax<-15
reskmeanscl<-matrix(0,nrow=nrow(DataExpMoyCR),ncol=Kmax-1)
Iintra<-NULL
for (k in 1:Kmax){
  resaux<-kmeans(DataExpMoyCR,centers=k)
  reskmeanscl[,k-1]<-resaux$cluster
  Iintra<-c(Iintra,resaux$tot.withinss) # tot.withinss correspond à la somme des composantes au carré d
}

df<-data.frame(K=1:15,Iintra=Iintra)
ggplot(df,aes(x=K,y=Iintra))+
  geom_line()+
  geom_point()+
  xlab("Nombre de classes")+
  ylab("Inertie intraclasse")
```




```
# Avec cette méthode, on dirait que le coude correspond lorsque le nombre de classes est de 2.
# On va alors utiliser 2 classes pour la méthode des K-means.

ExpMoykmeans<-kmeans(DataExpMoyCR,centers = 2)
fviz_cluster(ExpMoykmeans,data=DataExpMoyCR,ellipse.type="norm",labelsize=8,geom=c("point"))+ggtitle("")
```




```
#fviz_pca_ind(resacp,col.ind=as.factor(ExpMoykmean$cluster),geom = c("point"),axes=c(1,2))

# A présent, on va essayer une autre méthode, la méthode hiérarchique.

# D'une part, on fait le calcul de la matrice de distances
dist_matrix_ExpMoy <- dist(DataExpMoyCR, method = "euclidean")
# Clustering hiérarchique avec la méthode de liaison "ward.D2", on peut aussi faire avec "single", "com
hc_ExpMoy <- hclust(dist_matrix_ExpMoy, method = "ward.D2")
# Afficher le dendrogramme
fviz_dend(hc_ExpMoy,k=2,show_labels = FALSE,
rect = TRUE, rect_fill = TRUE,palette = "npg",
rect_border = "npg",
labels_track_height = 0.8)+ggtitle("")
```




```
# (Le temps de chargement est plutôt long)
```

Faites une classification non supervisée (clustering) des gènes à partir des variables ExpT1, ExpT2 et ExpT3. Comparez avec les résultats de la question précédente.