

Alphonse_licence.R

USER

2023-01-06

```
##### Library #####
library(tidyverse)
## -- Attaching packages -----tidyverse 1.3.1 --
## v ggplot2 3.3.6      v purrr 0.3.4
## v tibble 3.1.6      v dplyr 1.0.7
## v tidyr 1.1.4       v stringr 1.4.0
## v readr 2.1.1       v forcats 0.5.1
## Warning: le package 'ggplot2' a été compilé avec la version R 4.1.3
## -- Conflicts -----tidyverse_conflicts() --
## x dplyr::filter() masks stats::filter()
## x dplyr::lag() masks stats::lag()
library(gtsummary)
library(ggsci)
## Warning: le package 'ggsci' a été compilé avec la version R 4.1.3
library(emmeans)
library(questionr)
library(gtsummary)
library(khroma)
## Warning: le package 'khroma' a été compilé avec la version R 4.1.3
library(knitr)
## Warning: le package 'knitr' a été compilé avec la version R 4.1.3
library(rmarkdown)
## Warning: le package 'rmarkdown' a été compilé avec la version R 4.1.3
library(markdown)
## Warning: le package 'markdown' a été compilé avec la version R 4.1.3
##### Importation de données
#####
data <- read.table("data.txt", header = T, stringsAsFactors = T)
names(data)
## [1] "ID" "N_boite" "Type" "Nom"
"Localité"
## [6] "Antibiotique" "CFU1" "Bactériel" "CFU2"
"Bactérie2"
## [11] "Microscopie" "DO" "PCR"
str(data)
## 'data.frame': 565 obs. of 13 variables:
## $ ID : int 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
## $ N_boite : Factor w/ 202 levels "IS1","IS10","IS11",...: 127 138
149 160 171 182 193 201 202 128 ...
## $ Type : Factor w/ 2 levels "Insecte","Racine": 2 2 2 2 2 2 2 2
2 2 ...
## $ Nom : Factor w/ 7 levels "Autre","Crique",...: NA NA NA NA NA
NA NA NA NA ...
## $ Localité : Factor w/ 2 levels "SOUM","VK": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
## $ Antibiotique: Factor w/ 2 levels "Genta_Ampi","Peni_Ampi": 1 1 1 1 1
1 1 1 1 1 ...
## $ CFU1 : int 3 NA 7 3 4 6 5 8 3 4 ...
## $ Bactériel : int 0 0 0 0 0 1 0 1 0 0 ...
## $ CFU2 : int 9 22 42 26 28 21 50 33 17 16 ...
## $ Bactérie2 : int 0 0 0 0 0 1 0 1 0 0 ...
## $ Microscopie : int 0 0 1 0 1 0 0 0 0 0 ...
## $ DO : num 1.53 NA NA NA 1.73 NA NA NA NA NA ...
## $ PCR : int 1 NA NA NA 1 NA NA NA NA NA ...
```

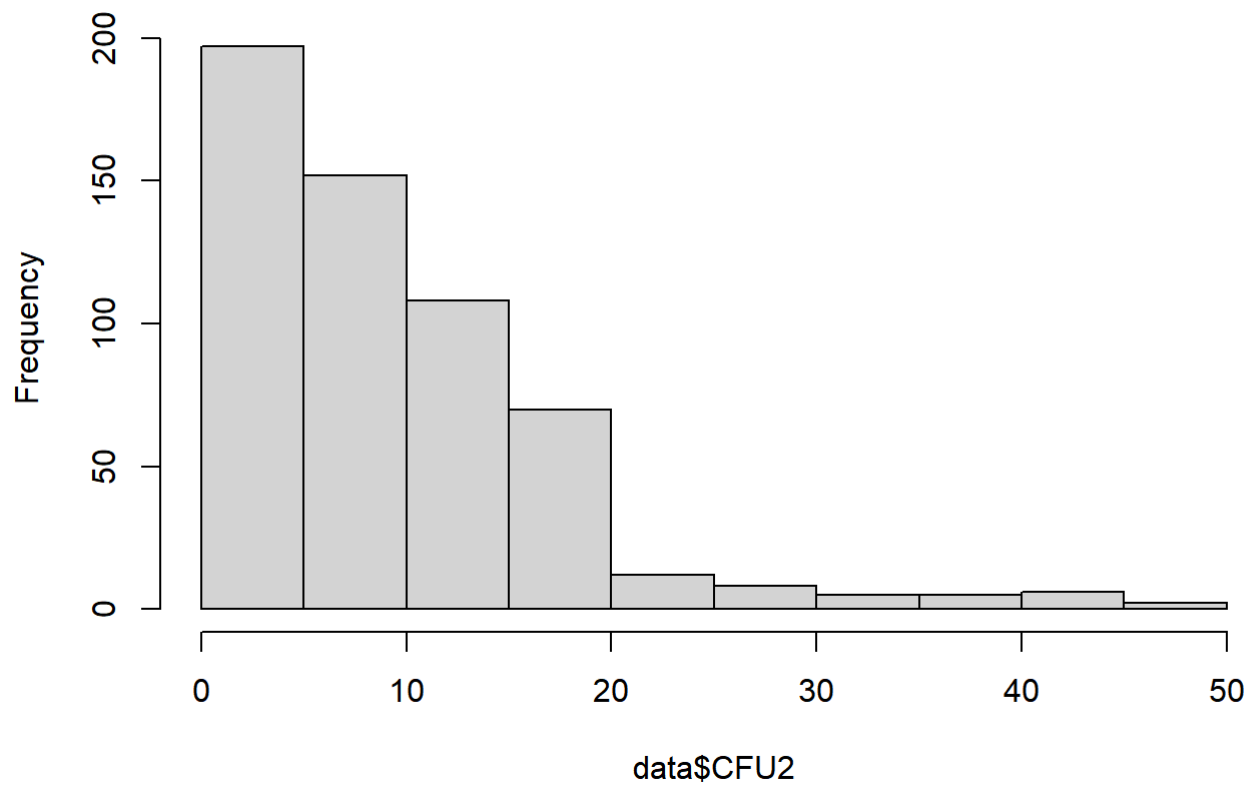
```

### Recoder les variables Bacteriel,Bacterie2,Microscopie et PCR en
facteur#
data$Bacteriel <- as.factor(data$Bact rie1)
data$Bacterie2 <- as.factor(data$Bact rie2)
data$Microscopie <- as.factor(data$Microscopie)
data$PCR <- as.factor(data$PCR)

##### Recodage de data$PCR #####
data$PCR <- data$PCR %>%
  fct_recode(
    "N gatif" = "0",
    "Positif" = "1"
  )
##### Recodage de data$Microscopie #####
data$Microscopie <- data$Microscopie %>%
  fct_recode(
    "Met+" = "0",
    "Met-" = "1"
  )
##### Recodage de la variable Bacterie #####
data$Bacterie2 <- data$Bacterie2 %>%
  fct_recode(
    "Absent" = "0",
    "Pr sent" = "1"
  )
##### V rification des transformations #####
str(data)
## 'data.frame': 565 obs. of 15 variables:
## $ ID : int 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
## $ N_boite : Factor w/ 202 levels "IS1","IS10","IS11",...: 127 138
149 160 171 182 193 201 202 128 ...
## $ Type : Factor w/ 2 levels "Insecte","Racine": 2 2 2 2 2 2 2 2
2 2 ...
## $ Nom : Factor w/ 7 levels "Autre","Crique t",...: NA NA NA NA NA
NA NA NA NA NA ...
## $ Localit  : Factor w/ 2 levels "SOUM","VK": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
## $ Antibiotique: Factor w/ 2 levels "Genta_Ampi","Peni_Ampi": 1 1 1 1 1
1 1 1 1 1 ...
## $ CFU1 : int 3 NA 7 3 4 6 5 8 3 4 ...
## $ Bact rie1 : int 0 0 0 0 0 1 0 1 0 0 ...
## $ CFU2 : int 9 22 42 26 28 21 50 33 17 16 ...
## $ Bact rie2 : int 0 0 0 0 0 1 0 1 0 0 ...
## $ Microscopie : Factor w/ 2 levels "Met+","Met-": 1 1 2 1 2 1 1 1 1 1
...
## $ DO : num 1.53 NA NA NA 1.73 NA NA NA NA NA ...
## $ PCR : Factor w/ 2 levels "N gatif","Positif": 2 NA NA NA 2 NA
NA NA NA NA ...
## $ Bacteriel : Factor w/ 2 levels "0","1": 1 1 1 1 1 2 1 2 1 1 ...
## $ Bacterie2 : Factor w/ 2 levels "Absent","Pr sent": 1 1 1 1 1 2 1 2
1 1 ...
##### verifier la normalite et l'homogeneite des variance
#####
hist(data$CFU2)

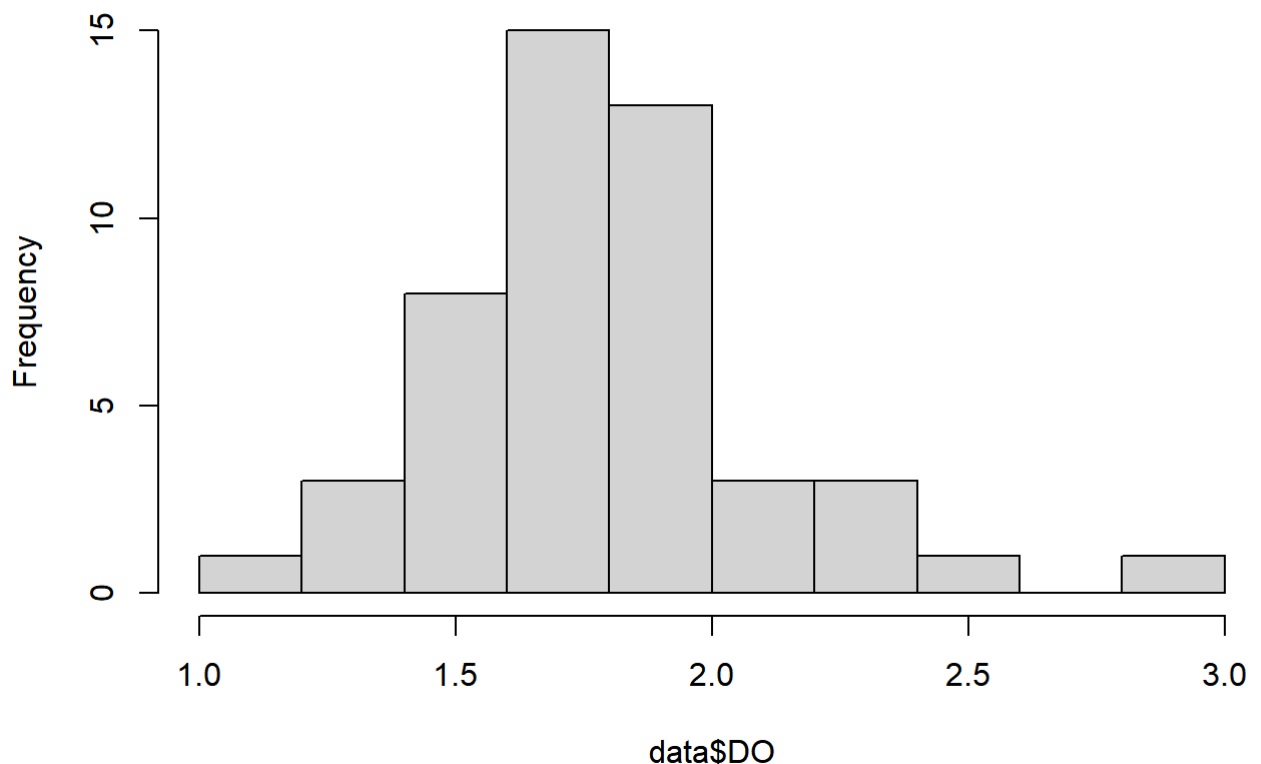
```

Histogram of data\$CFU2



```
hist(data$DO)
```

Histogram of data\$DO



```
shapiro.test(data$CFU1) ## si P < 0.05 la variable CFU1 ne suit pas la loi
normal
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  data$CFU1
## W = 0.86095, p-value = 4.389e-11
shapiro.test(data$CFU2) ## si P < 0.05 la variable CFU2 ne suit pas la loi
normal
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  data$CFU2
## W = 0.82854, p-value < 2.2e-16
fligner.test(data$CFU1~data$Localité)## si P > 0.05 les variances sont
homogènes
##
##  Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data:  data$CFU1 by data$Localité
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 1.1427, df = 1, p-value = 0.2851
fligner.test(data$CFU2~data$Localité)
##
##  Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data:  data$CFU2 by data$Localité
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 3.7008, df = 1, p-value = 0.05439
#### test non paramétrique pour les variables CFU1 et CFU2
```

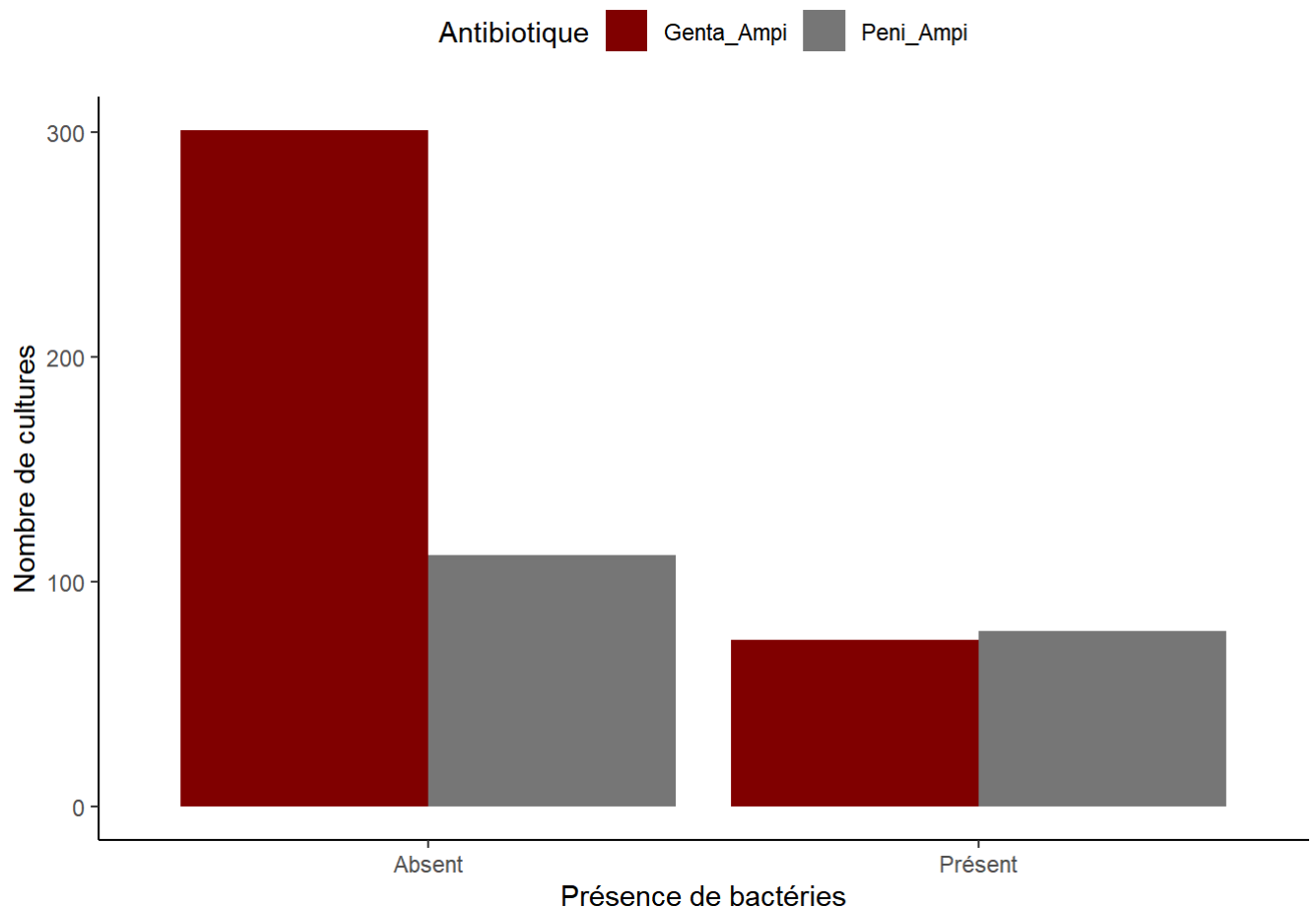
```

shapiro.test(data$DO) ## si P>0.05 la variable DO suit la loi normal
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data: data$DO
## W = 0.95706, p-value = 0.07681
fligner.test(data$DO~data$PCR)## si P > 0.05 les variances sont homogènes
##
## Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data: data$DO by data$PCR
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 3.8627e-05, df = 1, p-value = 0.995
#### test paramétrique pour la variable DO

##### Analyse de la contamination bacterienne~antibiotiques utilisés
#####
tab <- xtabs(~data$Bacterie2 + data$Antibiotique, data = data)
tab
##
## data$Antibiotique
## data$Bacterie2 Genta_Ampi Peni_Ampi
## Absent 301 112
## Présent 74 78
prop <- cprop(tab)
prop
##
## data$Antibiotique
## data$Bacterie2 Genta_Ampi Peni_Ampi Ensemble
## Absent 80.3 58.9 73.1
## Présent 19.7 41.1 26.9
## Total 100.0 100.0 100.0
prop.test(tab) ## le nombre d'échantillons contaminé était fortement
influencé
##
## 2-sample test for equality of proportions with continuity correction
##
## data: tab
## X-squared = 28.072, df = 1, p-value = 1.169e-07
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
## 0.1471819 0.3367610
## sample estimates:
## prop 1 prop 2
## 0.7288136 0.4868421
# par la combinaison d'antibiotiques utilisé
# X-squared = 28.072, df = 1, p-value = 1.169e-07

#### Representation Graphique
ggplot(data)+
  aes(Bacterie2, fill=Antibiotique)+
  geom_bar(position = "dodge")+
  scale_fill_uchicago()+
  theme_classic()+
  ylab("Nombre de cultures")+
  xlab("Présence de bactéries")+
  theme(legend.position = "top")

```

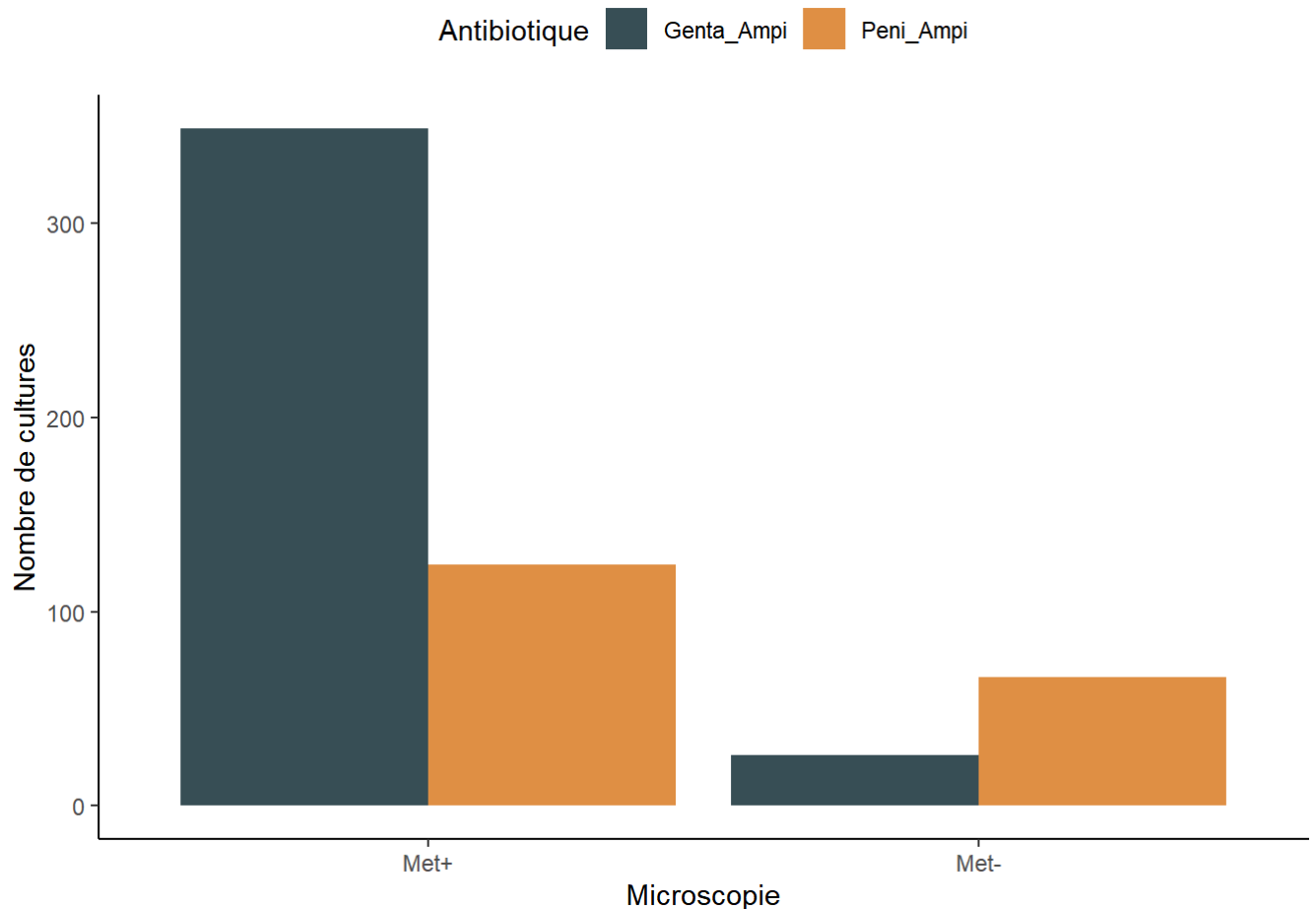


```
##### Analyse de la microscopie~antibiotiques utilisés #####
tabl <- xtabs(~data$Microscopie+data$Antibiotique, data = data)
tabl
##              data$Antibiotique
## data$Microscopie Genta_Ampi Peni_Ampi
##           Met+         349         124
##           Met-          26          66
prop1 <- cprop(tabl)
prop1
##              data$Antibiotique
## data$Microscopie Genta_Ampi Peni_Ampi Ensemble
##           Met+    93.1      65.3      83.7
##           Met-     6.9      34.7      16.3
##           Total 100.0     100.0     100.0
prop.test(tabl)
##
## 2-sample test for equality of proportions with continuity correction
##
## data:  tabl
## X-squared = 69.488, df = 1, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
##  0.3485612 0.5619085
## sample estimates:
##   prop 1   prop 2
## 0.7378436 0.2826087
##### Representation Graphique
ggplot(data)+
```

```

aes(Microscopie, fill=Antibiotique)+
geom_bar(position = "dodge")+
scale_fill_jama()+
theme_classic()+
ylab("Nombre de cultures")+
xlab("Microscopie")+
theme(legend.position = "top")

```



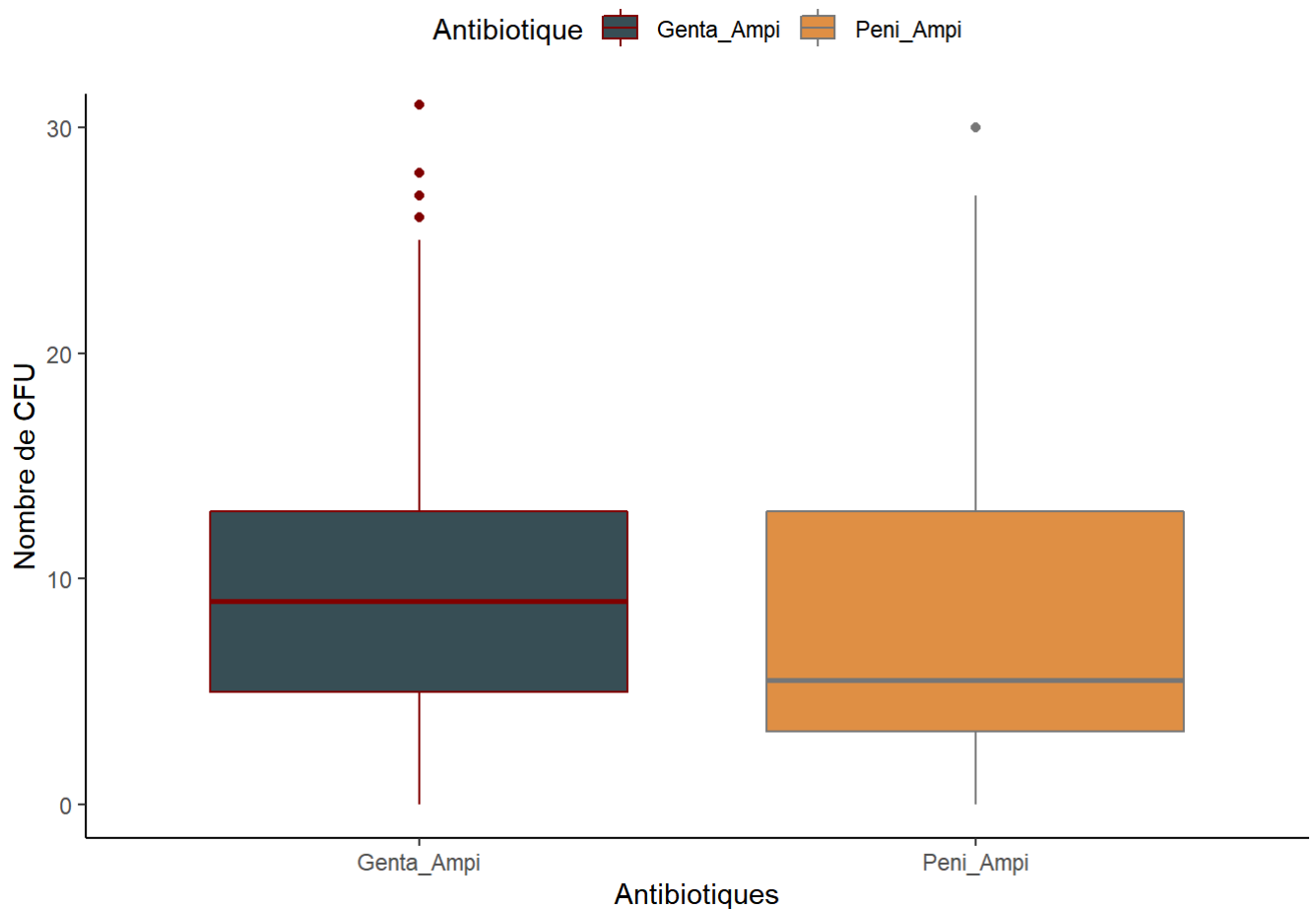
```

##### Analyse CFU ~antibiotiques utilisés #####
Moy_CFU2 <- tapply(data$CFU2, data$Antibiotique, mean)
Moy_CFU2
## Genta_Ampi Peni_Ampi
## 10.610667 9.152632
wilcox.test(data$CFU2~data$Antibiotique)
##
## Wilcoxon rank sum test with continuity correction
##
## data: data$CFU2 by data$Antibiotique
## W = 45257, p-value = 1.328e-07
## alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
#La combinaison d'antibiotique a un effet significatif sur le nombre de CFU
#W = 45257, p-value = 1.328e-07

# Representation graphique
ggplot(data)+
  aes(Antibiotique,CFU2,color=Antibiotique,fill=Antibiotique)+
  geom_boxplot()+
  coord_cartesian(ylim = c(0,30))+

```

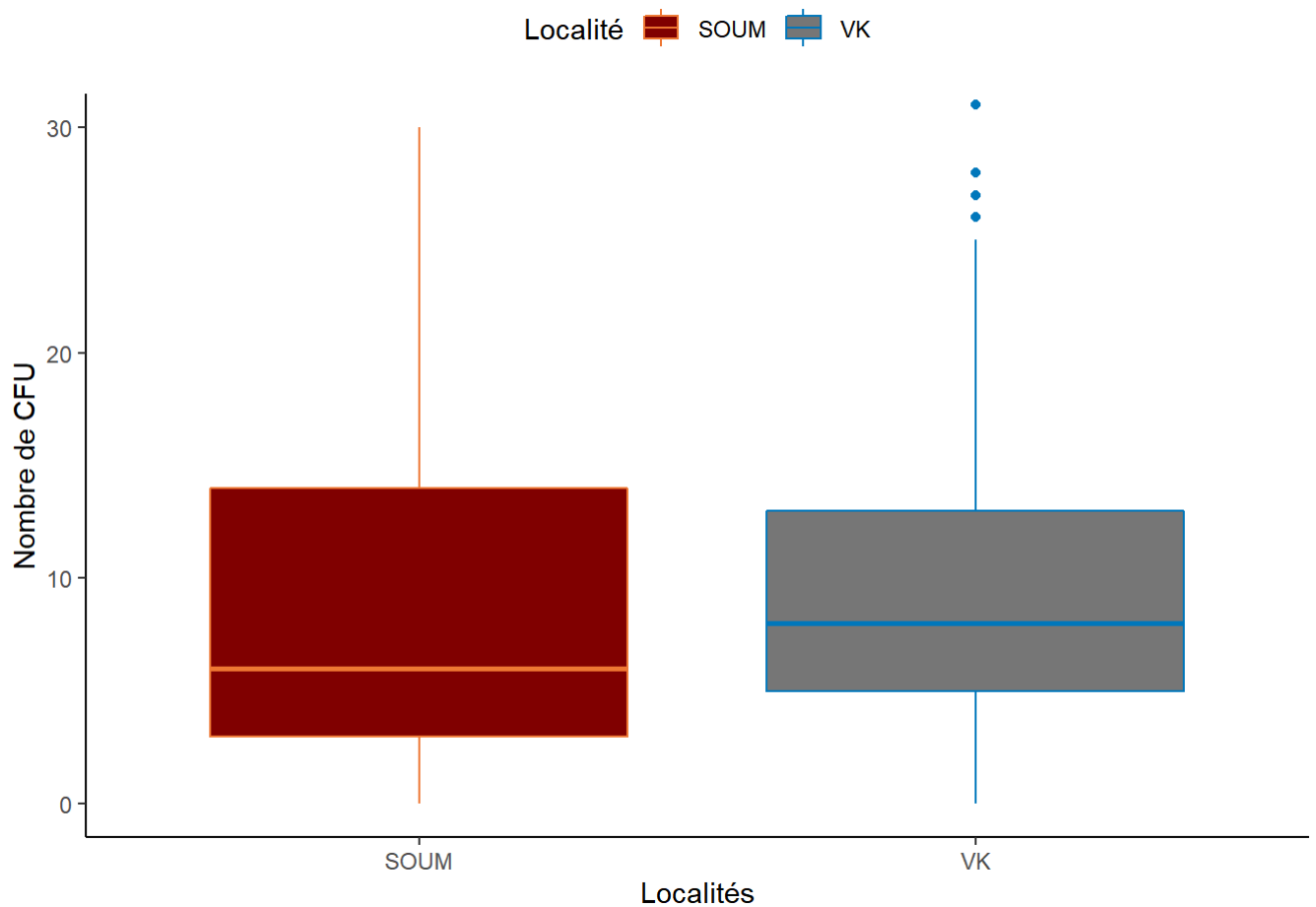
```
ylab("Nombre de CFU")+
xlab("Antibiotiques")+
theme_classic()+
scale_fill_jama()+
scale_color_uchicago()+
theme(legend.position = "top")
```



```
##### Analyse du nombre de CFU en fonction de la localité #####
Moy_CFU <- tapply(data$CFU2, data$Localité, mean)
Moy_CFU
##      SOUM      VK
##  9.992366 10.158986
wilcox.test(data$CFU2~data$Antibiotique)#La localité a un effet
significatif sur le nombre de CFU
##
##  Wilcoxon rank sum test with continuity correction
##
## data:  data$CFU2 by data$Antibiotique
## W = 45257, p-value = 1.328e-07
## alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
## W = 45257, p-value = 1.328e-07
# Représentation graphique
ggplot(data)+
  aes(Localité,CFU2,color=Localité,fill=Localité)+
  geom_boxplot()+
  coord_cartesian(ylim = c(0,30))+
  ylab("Nombre de CFU")+
  xlab("Localités")+
```



```
theme_classic()+
scale_fill_uchicago()+
scale_colour_vibrant()+
theme(legend.position = "top")
```



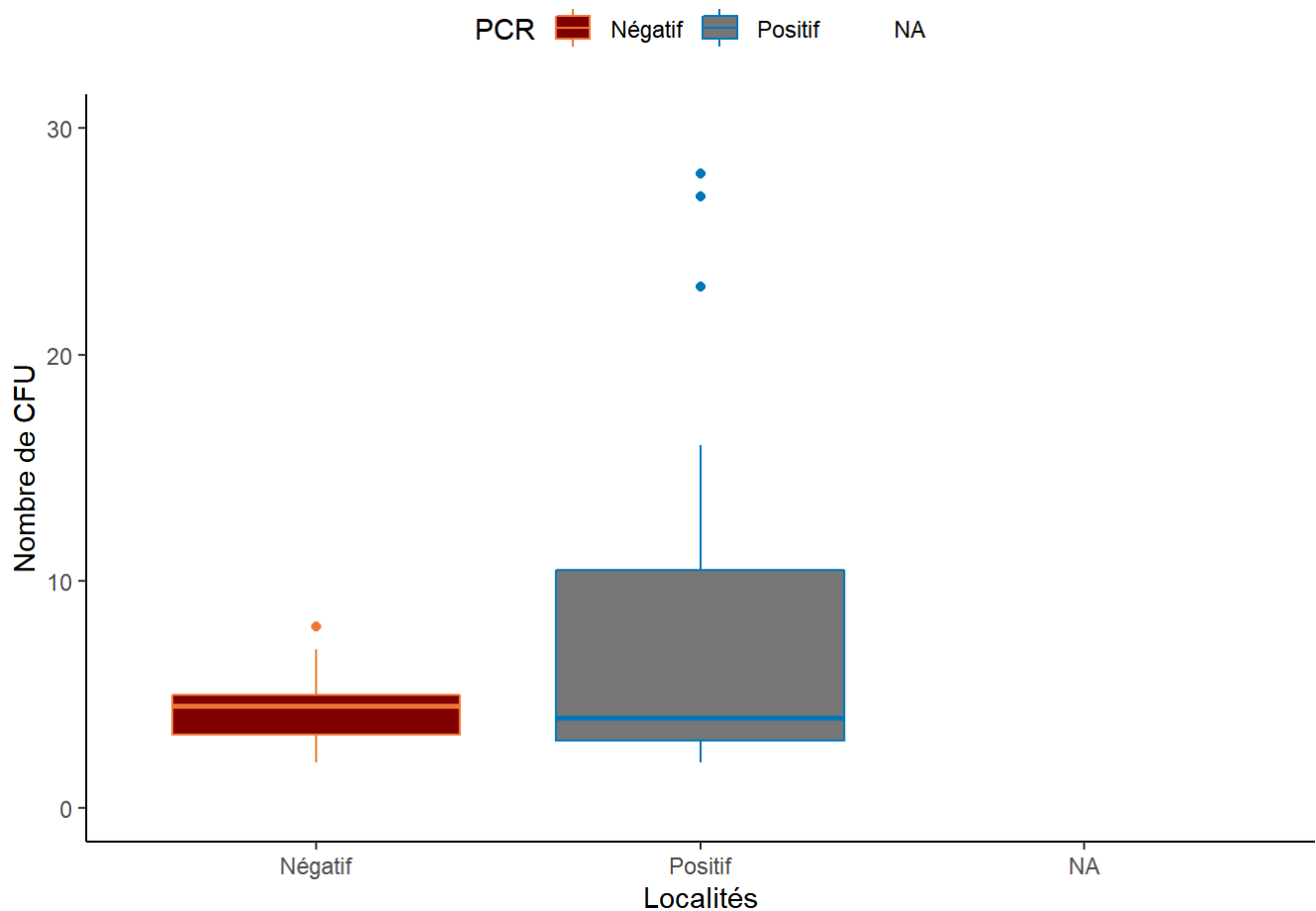
Analyse du nombre CFU en fonction de la Microscopie

```
Moy_CFU1 <- tapply(data$CFU2, data$PCR, mean)
Moy_CFU1
## Négatif Positif
## 4.500000 7.972222
wilcox.test(data$CFU2~data$PCR)#La localité a un effet significatif sur le
nombre de CFU
## Warning in wilcox.test.default(x = c(2L, 2L, 7L, 6L, 8L, 3L, 3L, 4L, 5L,
:
## cannot compute exact p-value with ties
##
## Wilcoxon rank sum test with continuity correction
##
## data: data$CFU2 by data$PCR
## W = 216.5, p-value = 0.443
## alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
## W = 45257, p-value = 1.328e-07
# Représentation graphique
ggplot(data)+
  aes(PCR,CFU2,color=PCR,fill=PCR)+
  geom_boxplot()+
  coord_cartesian(ylim = c(0,30))+
```

```

ylab("Nombre de CFU")+
xlab("Localités")+
theme_classic()+
scale_fill_uchicago()+
scale_colour_vibrant()+
theme(legend.position = "top")

```



```
##### Analyse des resultats de microscopie #####
data %>%

```

```

  tbl_summary(include = Microscopie,
              statistic = all_categorical() ~ "{p} % ({n}/{N})",
              missing = "no") %>%

```

```

  add_n(
    statistic = "{n}/{N}",
    col_label = "***Effectifs***",
    last = TRUE,
    footnote = TRUE
  ) %>%

```

```
add_ci()
```

Characteristic	N = 565 ¹	95% CI ²	Effectifs ³
----------------	----------------------	---------------------	------------------------

Microscopie			565/565
-------------	--	--	---------

Met+	84 % (473/565)	80%, 87%	
------	----------------	----------	--

Met-	16 % (92/565)	13%, 20%	
------	---------------	----------	--

¹ % % (n/N)

Characteristic N = 565¹ 95% CI² Effectifs³

² CI = Confidence Interval

³ N not Missing/Total N

```
##### Microscopie en fonction du type d'échantillon #####
data %>%
```

```
  tbl_summary(include = Microscopie,
               by = Type,
               percent = "column",
               statistic = all_categorical() ~ "{p} % ({n}/{N})",
               missing = "no") %>%
  add_n(
    statistic = "{n}/{N}",
    col_label = "***Effectifs**",
    last = TRUE,
    footnote = TRUE
  ) %>%
  add_ci() %>%
  add_p()
```

Characteristic	Insecte, N = 397 ¹	95% CI ²	Racine, N = 168 ¹	95% CI ²	Effectifs ³	p-value ⁴
Microscopie					565/565	<0.001
Met+	89 % (353/397)	85%, 92%	71 % (120/168)	64%, 78%		
Met-	11 % (44/397)	8.3%, 15%	29 % (48/168)	22%, 36%		

¹ % % (n/N)

² CI = Confidence Interval

³ N not Missing/Total N

⁴ Pearson's Chi-squared test

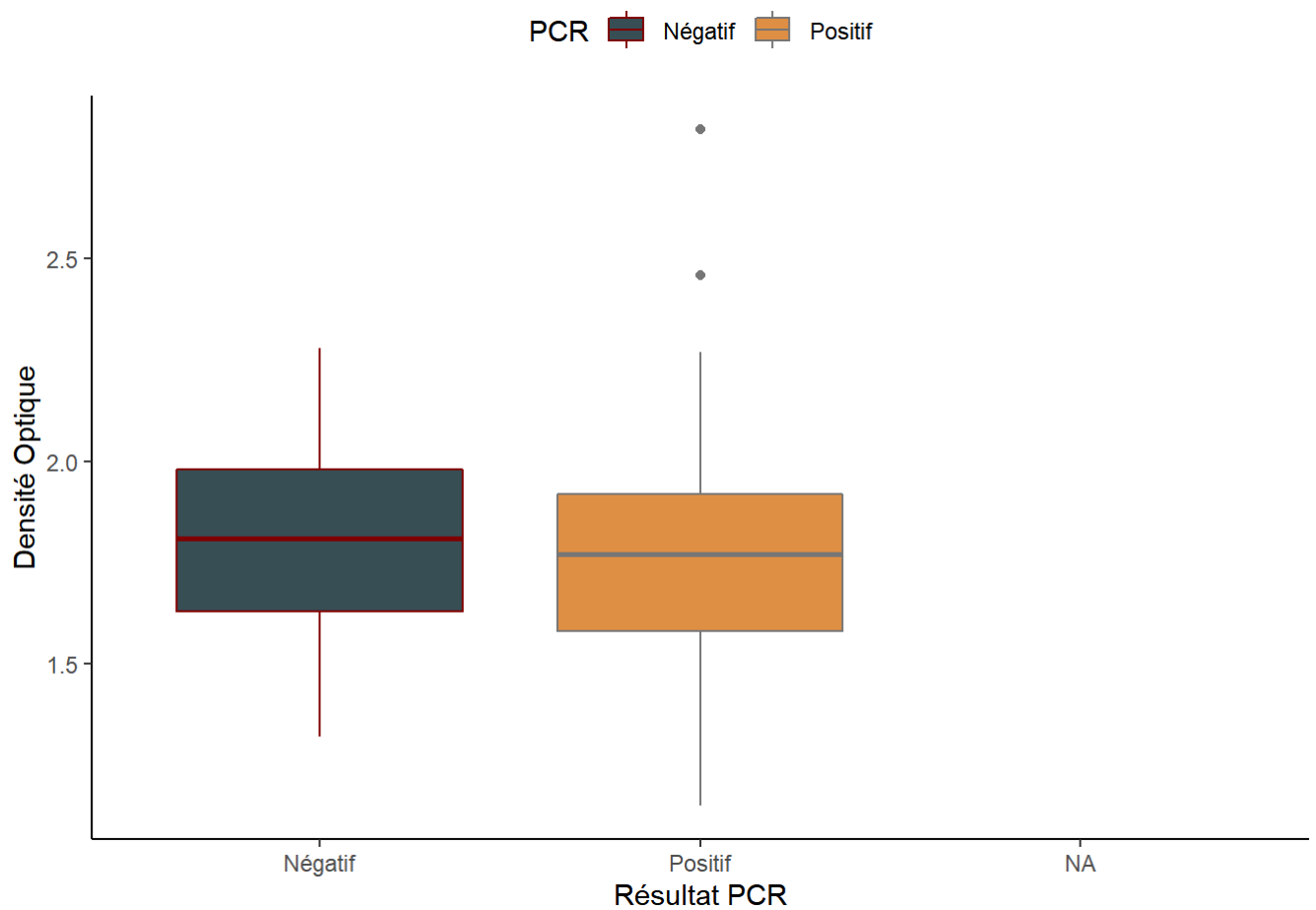
```
##### Analyse des resultats de la PCR #####
```

```
table(data$PCR)
##
## Négatif Positif
##      14      36
freq(data$PCR,
      cum = TRUE,
      total = TRUE,
      sort = "inc",
      digits = 2,
      exclude = NA)
##      n      % %cum
## Négatif 14  28  28
## Positif  36  72 100
## Total   50 100 100
data %>%
```

```
  tbl_summary(include = PCR,
               statistic = all_categorical() ~ "{p} % ({n}/{N})",
               missing = "no") %>%
  add_n(
    statistic = "{n}/{N}",
    col_label = "***Effectifs**",
```

```
##### Analyse de la DO en fonction du resultat PCR
Moy_DO <- tapply(data$DO, data$PCR, mean, na.rm=T)
Moy_DO
##      Négatif      Positif
## 1.843846 1.778857
t.test(Moy_DO)#La DO n'a pas eu d'effet significatif sur le résultat PCR
##
## One Sample t-test
##
## data: Moy_DO
## t = 55.743, df = 1, p-value = 0.01142
```

```
## alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## 1.398470 2.224233
## sample estimates:
## mean of x
## 1.811352
#t = 55.743, df = 1, p-value = 0.01142
# Representation graphique
ggplot(data)+
  aes(PCR, DO, color=PCR, fill=PCR)+
  geom_boxplot()+
  ylab("Densité Optique")+
  xlab("Résultat PCR")+
  theme_classic()+
  scale_fill_jama()+
  scale_color_uchicago()+
  theme(legend.position = "top")
## Warning: Removed 517 rows containing non-finite values (stat_boxplot).
```



The end