

Amélioration de l'accès aux résultats biologiques : Séquençage ARN et Application Shiny

Master 1 Bioinformatique
Université de Rennes 1
2019 - 2020



David GALLIEN & Gabin COUDRAY

ENGAGEMENT DE NON PLAGIAT

Je, soussigné (e)

Etudiant (e) en

Déclare être pleinement informé (e) que le plagiat de documents ou d'une partie de documents publiés sous toute forme de support (y compris l'internet), constitue une violation des droits d'auteur ainsi qu'une fraude caractérisée.

En conséquence, je m'engage à citer toutes les sources que j'ai utilisées pour la rédaction de ce document.

Signature

Laboratoire de Génomique Médicale
BMT-HC - CHU Pontchaillou
2 rue Henri le Guilloux
35033 Rennes Cedex
FRANCE

Annabelle MONNIER
annabelle.monnier@univ-rennes1.fr
TÉL. 33 (0)2 99 28 92 54

ENGAGEMENT DE NON PLAGIAT

Je, soussigné (e)

Etudiant (e) en

Déclare être pleinement informé (e) que le plagiat de documents ou d'une partie de documents publiés sous toute forme de support (y compris l'internet), constitue une violation des droits d'auteur ainsi qu'une fraude caractérisée.

En conséquence, je m'engage à citer toutes les sources que j'ai utilisées pour la rédaction de ce document.

Signature

Laboratoire de Génomique Médicale
BMT-HC - CHU Pontchaillou
2 rue Henri le Guilloux
35033 Rennes Cedex
FRANCE

Annabelle MONNIER
annabelle.monnier@univ-rennes1.fr
TÉL. 33 (0)2 99 28 92 54

Table des matières

Introduction	6
Contexte	6
Objectifs	8
Matériels et méthodes	9
Jeu de données et package DESeq2	9
Packages	9
DESeq2	10
Analyse d'expression différentielle	11
Création de l'application	12
Shiny	13
Shinydashboard	13
Rédaction du rapport	13
Markdown	13
Résultats	14
Analyse de données RNA-seq	14
Application RShiny	17
Partie 1 : Informations	17
Partie 2 : Importation des données	17
Partie 3 : DESeq2	18
Partie 4 : Résultats	19
Customisation	21
Conclusion et perspectives	22
Bibliographie	23
Résumé	24
Abstract	24

Annexe 1 : Script R pour l’analyse RNAseq via DESeq2 25

Annexe 2 : Scripts R pour l’application Shiny 28

2.1 Interface utilisateur 28

2.2 Serveur 35

2.3 Fonctions 42

Introduction

Contexte

De nos jours, la plupart des chercheurs n'ont en général pas le temps d'utiliser les outils permettant une analyse des données générées par les nouvelles technologies. C'est pour cela qu'il est important de leur offrir la possibilité d'avoir accès à des outils facilitant l'analyse et leur permettant d'être plus efficaces. Le but principal de notre projet est de mettre en place une application qui pourra aider ces scientifiques à explorer leurs résultats sous l'environnement R. Pour cela le package Shiny nous permet de créer une application web interactive.

Néanmoins, afin de créer une application interactive, nous avons besoin de quelques choses à montrer. Dans le domaine de la recherche médicale qui est le principal axe de recherche, les techniques de séquençage de seconde génération sont souvent utilisées. Ces techniques génèrent de nombreuses données qui ont besoin d'être explorées et analysées. Nous avons donc décidé de concentrer notre travail sur le séquençage de l'ARN (RNA-seq). Cette technique de séquençage de seconde génération a pour principal but de détecter des expressions différentielles entre des types cellulaires de différentes conditions.

Le RNA-seq est un nouveau moyen permettant un séquençage de l'ARN plus rapide que les techniques qui existaient précédemment comme la méthode de Sanger. Le but principal du RNA-seq est d'étudier l'expression différentielle de gènes entre différentes conditions. Le séquençage de l'ARN a été cité pour la première en 2008, et depuis, le nombre de publication contenant des données de RNA-seq augmentent d'années en années. Ce genre d'analyses utilise les technologies de séquençage de nouvelle génération (NGS) comme Illumina, Roche 454 ou encore Ion Torrent.

Une analyse RNA-seq présente 3 grandes étapes :

- Fragmentation aléatoire des ARN matures
- Amplification de ces fragments par PCR
- Séquençage de ces fragments donnant des millions de reads

Le nombre de reads obtenu est proportionnel à l'abondance des ARN dans la cellule. Ces reads sont stockés dans des fichiers au format fastQ et leur qualité est estimée grâce à des outils spécifiques. Ensuite, chaque read est mappé sur le génome de référence de l'organisme étudié. Après ce mapping, des fichiers BAM sont obtenus. Dans ces fichiers, chaque ligne représente un alignement d'un read. Pour finir, un comptage des reads pour chaque position est réalisé afin de remplir une table de comptage permettant l'analyse des données RNA-seq.

Analyse de données RNA-seq

Les étapes de l'analyse RNA-seq présentées ci-dessous sont inspirées du mode d'emploi d'analyse de données RNA-seq sur le site bioinfo-fr.net.

Etape 1 : Les données

Premièrement, pour obtenir le jeu de données, l'ARN est extrait des cellules et l'ARNm est isolé grâce à sa queue poly-adenylée. Une fois extrait, l'ARNm est fragmenté et subit une reverse transcription en ADNc. Ensuite, l'ADNc est séquençé grâce aux NGS. Aujourd'hui, le plus utilisé est la technologie Illumina qui utilise une amplification clonale et un séquençage par synthèse. Le séquençage peut être "single end" (chaque read est indépendant) ou "paired-end" (les reads sont paillés). Après le séquençage, des millions de reads sont obtenus.

Etape 2 : Contrôle qualité

A la sortie du séquenceur on retrouve des fichiers fastQ. Ce genre de fichier est composé de blocs de 4 lignes représentant un read. Grâce aux fichiers fastQ, la qualité du séquençage peut être estimée à l'aide de programmes comme FastQC.

Etape 3 : Mapping

Cette partie de l'analyse consiste à aligner tous les reads sur le génome de l'organisme étudié. Un read est mappé sur la région du génome qui lui est la plus similaire. Cette étape permet d'obtenir des fichiers BAM dans lesquels chaque ligne correspond à un read. De plus, la moyenne du nombre de reads mappés sur une région est appelée la profondeur.

Etape 4 : Quantification

Le nombre de reads est un témoin de l'abondance d'ARN dans la cellule. Ainsi, il est possible d'estimer le niveau d'expression d'un gène. C'est pourquoi il est important de compter les reads mappés pour chaque gène. Le but de cette étape est de remplir une table de comptage afin de pouvoir la manipuler facilement avec R par exemple.

Etape 5 : Statistiques

Différents résultats statistiques peuvent être obtenus ainsi que des graphiques ou encore des carte de densité pour les exons. Il est important de normaliser les données et de comparer les p-value ajustées obtenues après différents tests. Tout ceci permet d'établir une liste de gène différentiellement exprimés.

Objectifs

Aujourd'hui, de plus en plus d'études utilisent le séquençage de l'ARN, il en résulte de plus en plus de données à analyser. Pour essayer de répondre à cette problématique nous avons décidé d'élaborer une application interactive grâce au package RShiny. Cette application a pour but d'aider à l'analyse de données RNA-seq le plus profondément possible en répondant aux plus de questions possibles et permettre une visualisation intuitive des résultats. Le but de ce projet est de nous permettre d'en apprendre plus sur cette nouvelle technique de séquençage de l'ARN et son analyse. Cela nous permettra aussi d'apprendre à utiliser différents packages disponibles sous R comme Shiny pour la conception de l'application ou Markdown pour la rédaction du rapport.

Matériels et méthodes

Jeu de données et package DESeq2

Nous allons tout d'abord procéder à une analyse de l'expression différentielle de gènes. Pour cela, nous avons récupéré un jeu de données de l'étude RNA-Seq transcriptome profiling identifies CRISPLD2 as a glucocorticoid responsive gene that modulates cytokine function in airway smooth muscle cells de Himes BE, Jiang X, Wagner P, et al. Les glucocorticoïdes sont utilisés pour traiter l'asthme et le but de cette étude est de comprendre le mécanisme dans les muscles lisses des voies respiratoires en utilisant la technologie RNA-seq.

Cette expérience rassemble 8 échantillons : 4 traités avec du dexaméthasone (glucocorticoïde synthétique) et 4 échantillons contrôles sans traitements. Nous avons donc une table de comptage de reads dans laquelle on trouve le nombre de reads mappés sur chaque gène pour chaque échantillon. De plus, nous avons un fichier d'annotation des gènes contenant des informations sur tous les gènes.

Packages

Pour effectuer cette analyse nous allons travailler sous R et notamment sous l'IDE R-studio. Afin d'effectuer l'analyse différentielle nous allons utiliser le package *DESeq2* proposé et développé par Bioconductor.

DESeq2

DESeq2 est un package sous R capable de procéder à une analyse de l'expression différentielle de gènes basée sur la loi binomiale négative. Ce package est développé par la plateforme Bioconductor qui met à disposition des utilisateurs différents logiciels bioinformatiques open source et plus spécifiquement pour l'analyse et l'étude de séquençages hauts débits comme le RNA-seq ici. Avec les différents outils de ce package, il est possible d'estimer des relations moyenne-variance dans le jeu de données et de tester l'expression différentielle basée sur la loi binomiale négative.

Cette loi binomiale négative est une alternative à la loi de Poisson. En effet, il s'agit d'une loi de probabilité discrete. Pour résumer, on considère une expérience qui peut aboutir à un succès de probabilité p ou un échec. Cette expérience se termine après un nombre choisi de succès. Le but est de savoir le nombre d'échecs ayant eu lieu avant le nombre de succès défini. C'est cette loi qui est utilisée car le comptage des reads n'est pas continu, on ne retrouve que des entiers non nuls donc on ne peut pas utiliser une distribution normale. Dans la loi binomiale négative, la variance est toujours supérieure ou égale à la moyenne. Pour finir, dans une analyse RNA-seq, les gènes sous-exprimés ont une variance plus élevée que les gènes sur-exprimés.

Il est donc nécessaire d'avoir au préalable une table de comptage ainsi qu'une table contenant le design de l'expérience car la première étape consiste à créer un premier jeu de données DESeq contenant ces deux éléments. Une fois l'objet créé, il est possible d'accéder à la table de comptage ainsi qu'au design de l'expérience à l'aide de fonctions propres au jeu de données DESeq2 (annexe 1). La seconde étape consiste à normaliser les données de la table de comptage et à réaliser l'analyse de l'expression différentielle. Le package *DESeq2* permet de réaliser ces deux étapes d'une traite. Une fois cette seconde étape réalisée on peut extraire les résultats de l'analyse d'expression différentielle, et commencer à les étudier.

```
### Create dds object ---
dds <- DESeqDataSetFromMatrix(counts_table,colData=airway_metadata,design = ~dex,tidy = TRUE)
# Set reference of experience, here "control"
colData(dds)$dex <- relevel(colData(dds)$dex , ref="control")
# Differential expression analysis and normalization ----
dds <- DESeq(dds)
# Extraction of DE results
res <- results(dds,tidy = TRUE)
```

Figure 1 : code des trois étapes principales de l'analyse d'expression différentielle avec le package DESeq2

Analyse d'expression différentielle

Avant d'analyser les résultats de l'analyse d'expression différentielle nous avons préalablement visualiser la distribution du comptage des reads pour chaque echantillon avant et après normalisation (figure 2) en utilisant la methode du log-frequence afin de faciliter la visualisation, en parallèle nous avons visualiser la profondeur de séquençage de chaque echantillon avant et après normalisation ce qui a permis de vérifier visuellement la bonne normalisation des données, pour ces visualisations et les autres à venir dans l'analyse nous avons utilisé les packages *ggplot2* et *ggrepel* disponible sur le CRAN.

```
# Extraction of count table
count_table_dds <- as.data.frame(counts(dds))
# Visualization of count distribution
ggplot(data=count_table_dds, aes(log(count_table_dds[, "SRR1039517"]+1))) +
  geom_histogram(breaks=seq(0,14,1), col="black", fill="grey") +
  theme_light()+labs(title="SRR1039517",
                    x="Count value (number of read by genes) in log(count+1)",
                    y="Count frequency") +
  theme_bw()
```

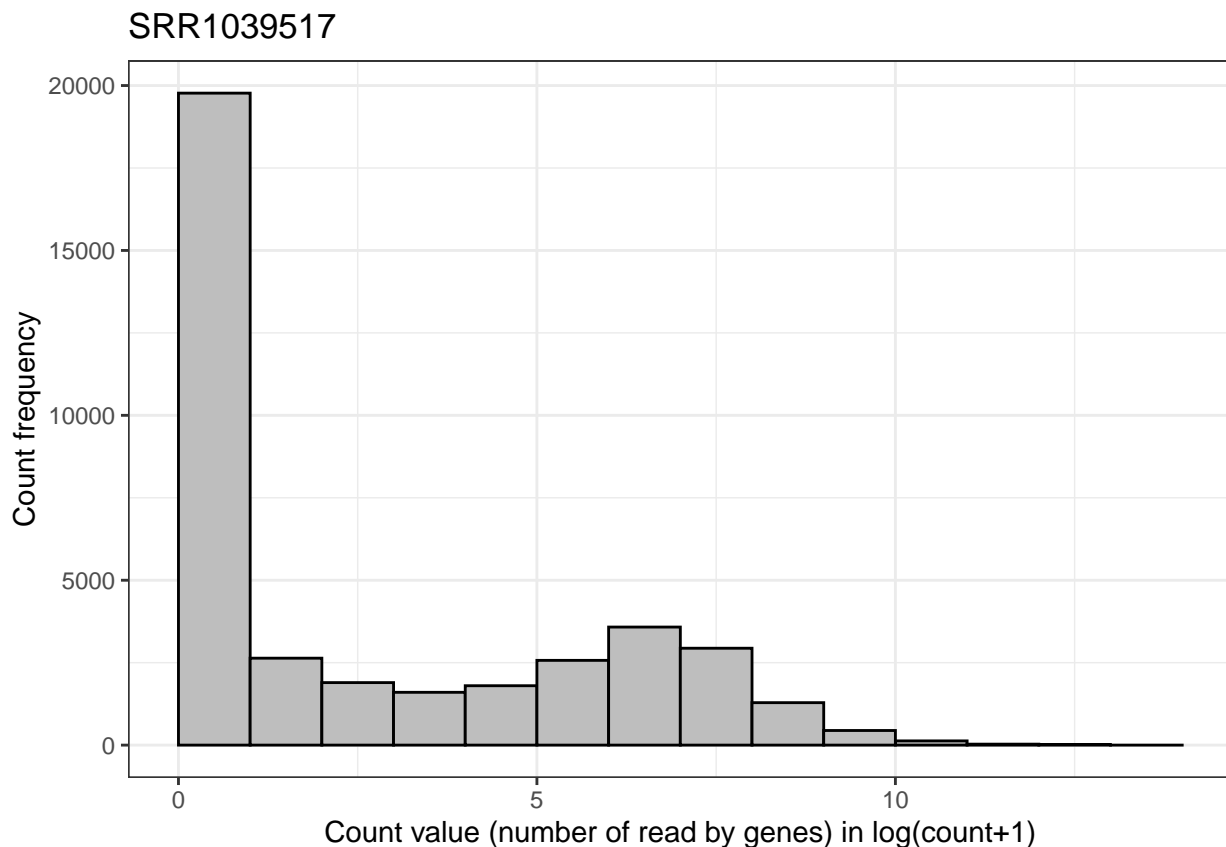


Figure 2 : code de la visulisation de la distribution des comptages non normalisés pour l'échantillon SRR1039517

Suite a cette première approche nous nous sommes intéressés aux résultats propres de l'analyse

d'expression différentielle (DE), la fonction intégrée au package *DESeq2* nous a permis de sortir une table contenant les résultats de cette analyse. Cette table contient 7 colonnes correspondant à : ID des gènes, baseMean, logFoldChange, lfcSE, stats, p.value et la p.value ajusté. A partir de cette table Nous avons ressorti les gènes différentiellement exprimés au risque alpha de 0.05 à l'aide de la p.value ajusté. Le LogFoldChange nous permet de différencier les gènes sur-exprimés ou sous-exprimés par rapport à la référence ($LFC > 0$: surrégulé, $LFC < 0$: sous régulés). Afin de visualiser les résultats de l'analyse d'expression différentielle au risque alpha de 0.05 nous réalisons un MA plot ainsi qu'un volcano plot. Pour le volcano plot nous lui associerons le fichier d'annotation afin d'observer les ID des gènes les plus différenciellement exprimés directement sur le graphique ainsi que les gènes les plus sur-exprimés ou sous-exprimés.

Une fois les résultats de l'analyse d'expression différentielle sur les gènes visualisés, nous avons analysé la différence des expressions entre les différents échantillons et non entre la condition de référence et la condition testée. Pour cela nous avons réalisé une PCA ainsi qu'une matrice de distance représentée sous forme de heatmap. Ces 2 représentation sont faites à l'aide de la fonction PCA intégrée au package *DESeq2* et au package *gplots* couplé au package *RcolorBrewer* pour le gradient de couleur. Pour ces deux visualisations nous avons utilisé la matrice de comptage transformées selon la méthode VST "Variance stabilization transformation". Enfin nous avons finis par réaliser une clustering heatmap de l'expression des 50 gènes les plus significativement différenciellement exprimés couplée au fichier d'annotation afin de visualiser les ID des gènes. Cette dernière heatmap a été réalisée à l'aide du package *NMF* pour "Non negative Matrix Factorization". La methode utilisée pour les matrices de distances des deux heatmaps est la méthode dite de pearson.

Création de l'application

Concernant la réalisation de l'application, nous avons préalablement créé un script contenant des fonctions générant les visualisations et résultats que nous souhaitions avoir dans l'application (annexe 2.3). Nous avons réalisé ces fonctions car pour la plus grande partie des résultats et leurs visualisations les lignes de codes correspondantes étaient imposantes ce qui aurait apporté une perte de lisibilité dans les scripts de l'application. En plus de ce script contenant les fonctions nécessaire au fonctionnement de l'application nous utilisons les packages propres à la création d'une application que sont *Shiny* et

Shinydashboard.

Shiny

Premièrement, le package *Shiny* permet la création d'applications web interactives capables d'utiliser toutes les fonctionnalités de R. C'est un outil permettant de créer des pages web sans forcément avoir de connaissances en HTML, css ou javascript. Cependant, c'est un plus d'avoir des connaissances dans ces domaines si on veut customiser ces pages web afin d'avoir une application plus attirante. Une application shiny est composée de deux fichiers :

- Le fichier ui.R (user interface) permet de contrôler l'apparence de l'application (annexe 2.1).
- Le fichier sever.R contient les instruction permettant le fonctionnement de l'application (annexe 2.2).

Shinydashboard

Pour l'aspect esthétique et la facilité de navigation nous avons décidé de faire un tableau de bord à l'aide du package *Shinydashboard*. Ce package permet donc de générer un corps d'application sous forme de tableau de bord. On y retrouve un en-tête avec le titre de l'application, une barre latérale servant de menu et le corps principal avec lequel on va pouvoir interagir. Le menu latéral va permettre de naviguer entre les différentes pages de l'application. Le tableau de bord peut être personnalisé comme on le souhaite à l'aide de css ou javascript afin d'avoir un environnement agréable à prendre en main.

Rédaction du rapport

Markdown

Pour la rédaction du rapport, nous utilisons RMarkdown qui nous permet de faire un rapport automatisé de notre travail. Les packages markdown et knitr permettent d'assembler rapport sous forme de texte et de code R. Ainsi nous pouvons intégrer notre code et les résultats obtenus lors de l'analyse. Nous avons choisi un format de sortie sous forme de PDF, ce qui nous autorise à utiliser LaTeX afin d'avoir un document final avec une mise en page optimale que nous auront définie.

Résultats

Analyse de données RNA-seq

Les résultats de l'analyse d'expression différentielle ont mis en valeur 2181 gènes différentiellement exprimés au risque alpha de 0.05 (figure ?), 1242 gènes sont sur-régulés et 939 sous-régulés par rapport à la condition de référence "control".

```
## No.DE Down.regulated Up.regulated NA.  
## 12964 939 1242 23549
```

Figure ? : Table des résultats de l'analyse d'expression différentielle au risque alpha = 0.05

On remarque que les gènes les plus différentiellement exprimés sont SPACL1, PER1, ARHGEF2,et MAOA, la plupart des gènes les plus différentiellement exprimés sont sur-exprimés par rapport à la référence (figure ?)

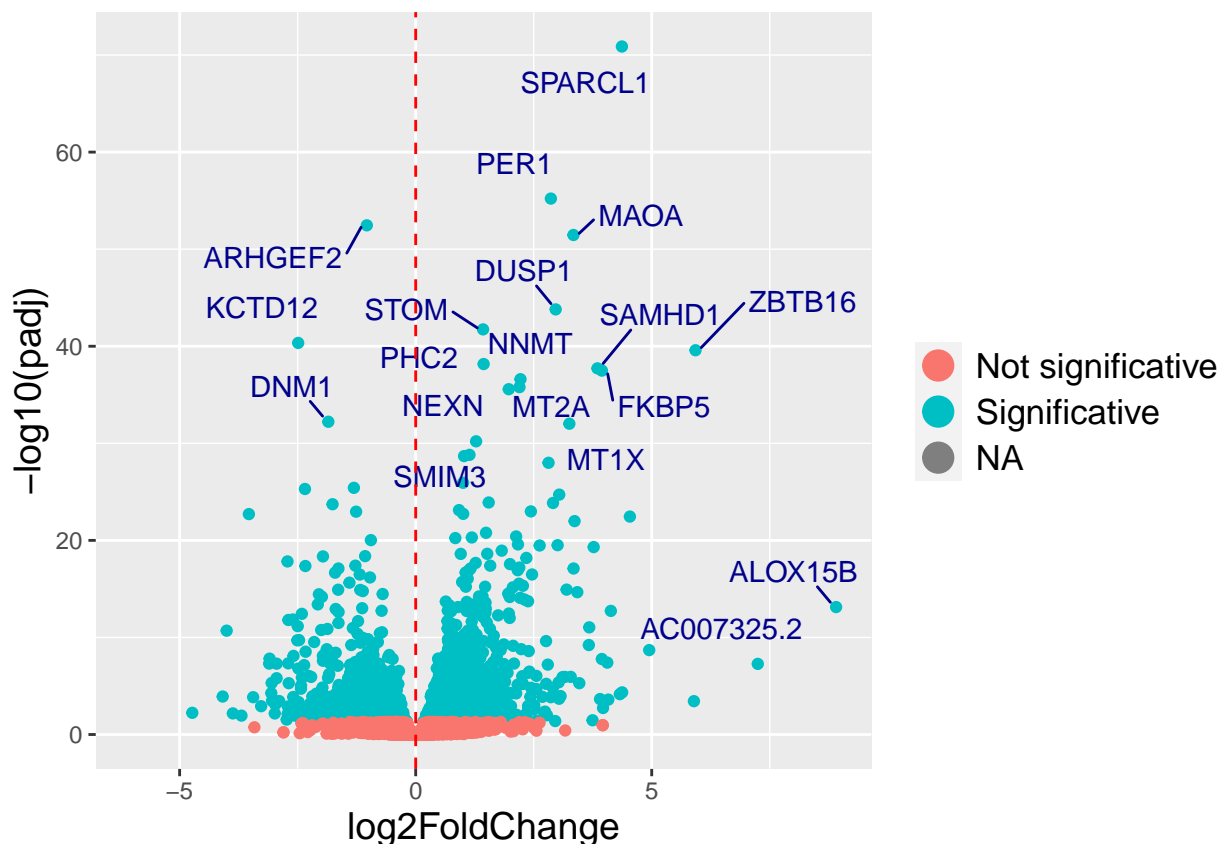


Figure ? : Volcano plot de l'analyse d'expression différentielle. En bleu on retrouve les gènes dont

l'expression diffère de la condition de référence "control" au risque $\alpha = 0.05$. En rouge les gènes dont l'expression ne diffère pas au risque $\alpha = 0.05$. Les points à droite de la ligne de démarcation correspondent aux gènes sur-exprimés par rapport à la référence et les points à gauche correspondent aux gènes sous-exprimés par rapport à la référence.

Entre les échantillons on remarque à l'aide de la PCA (figure ?) que deux groupes se distinguent selon la première dimension qui donne le plus gros pourcentage d'information : un groupe contenant les échantillons traités et un groupe contenant les échantillons contrôles. Selon la seconde dimension qui a un pourcentage d'information moins important, on remarque là aussi deux groupes. L'un des groupes contient tous les échantillons sauf SRR1039517 et SRR1039516. Cela laisse penser que ces deux échantillons sont les plus éloignés des autres du fait de la différence du type cellulaire. On aurait donc 3 types cellulaires proches (N05261, N06101, N61311) et l'un plus éloigné (N08061).

On remarque d'ailleurs sur la matrice de distance obtenue avec la méthode de corrélation de Pearson (figure ?) que l'échantillon SRR1039517 est le plus éloigné de ses homologues "treated" et que sa plus forte corrélation est avec son "control" associé. La matrice de distance pour les échantillons montre tout de même bien deux groupes : l'un contenant les échantillons traités et l'autre les échantillons contrôles. D'ailleurs la clustering heatmap (figure ?) sur l'expression des gènes montre cette fois bien clairement deux groupes l'un contenant les échantillons traités et l'autre les échantillons contrôles. Cette visualisation montre aussi, comme nous l'avons identifié, que les gènes les plus différenciellement exprimés sont le plus souvent sur-exprimés dans les échantillons traités.

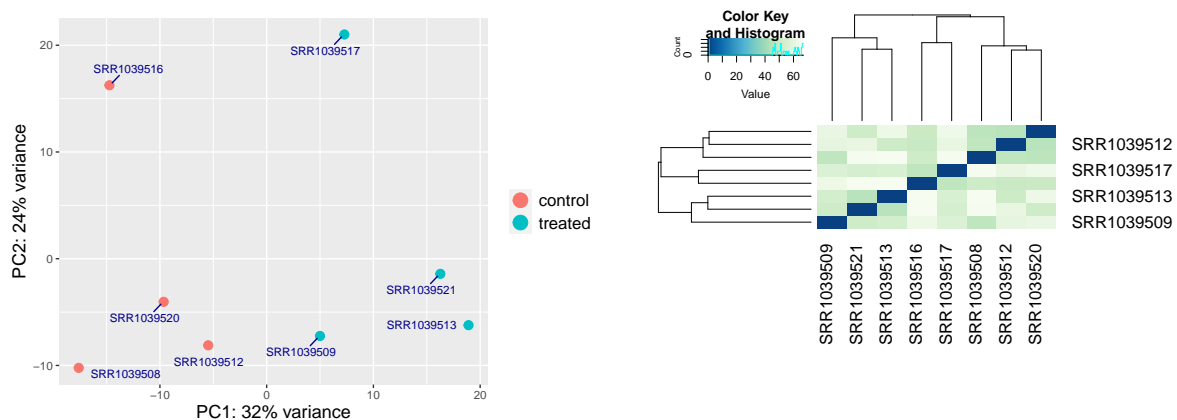


Figure ? : Analyse en composante principale (gauche) et matrice de distance (droite) sur les 8 échantillons avec une transformation selon la méthode VST. Un gradient de couleur bleu est utilisé. Plus la couleur vire au bleu plus la distance calculée est proche.

Application RShiny

Notre but était donc de mettre en place une application Shiny capable de faire l'analyse de données RNA-seq faite précédemment. Pour cela nous utilisons les packages *Shiny* et *Shinydashboard* afin de créer une application ergonomique et agréable à prendre en main. Pour ce faire, nous avons décidé de diviser l'application en 4 principales parties :

- Une première partie de présentation de l'application.
- Une partie pour l'import des données nécessaires.
- Une partie permettant l'utilisation de DESeq2.
- Une dernière partie avec tous les résultats.

Nous avons fait le choix de faire cette application en anglais et nous allons donc détailler chacune des parties en précisant leur mode de fonctionnement ainsi qu'en affichant certains résultats obtenus.

Partie 1 : Informations

La première partie sert de page d'accueil pour l'application. Elle présente rapidement le but et les fonctionnalités de cette application. Comme l'analyse de données RNA-seq faite précédemment, cette application se base sur l'utilisation du package DESeq2 afin d'obtenir des résultats pouvant être interprétés à partir d'une table de comptage et d'un fichier metadata au minimum. On retrouve donc aussi sur cette page d'accueil les types de fichiers autorisés pour permettre l'analyse ainsi que des exemples de ceux-ci. 3 sortes de fichiers sont autorisés : une table de comptage de reads (count table), un fichier metadata (metadata table) et un fichier d'annotation de gènes (annotation file).

Partie 2 : Importation des données

Les 3 types de fichiers cités dans le paragraphe précédent peuvent être importés dans l'application. Cependant seulement deux sont essentiels et l'autre est optionnel. En effet, les fichiers count table et metadata table sont nécessaires au bon fonctionnement des outils du package DESeq2. Concernant le

fichier d'annotation, il est facultatif donc il est demandé à l'utilisateur de préciser s'il en possède un. Ce fichier va servir à afficher le symbole des gènes si besoin pour certains résultats.

Tous les fichiers importés doivent être au format .csv, .tsv ou .txt avec pour séparation des tabulations, des virgules ou des points-virgules. Les fichiers doivent avoir des compositions spécifiques. Concernant le fichier de comptage de reads, la première colonne doit correspondre à l'identifiant du gène et toutes les autres aux comptages de reads par échantillons. Pour le fichier metadata, la première colonne doit correspondre aux échantillons de la table de comptages et une autre colonne minimum est nécessaire. Celle-ci doit être une colonne qui sépare les échantillons en 2 conditions (e.g. control et treated). Pour finir le fichier d'annotation doit répondre à une obligation : une des colonnes doit être nommées "symbol". Cette colonne correspond au symbole des gènes et est nécessaire pour pouvoir afficher ces symboles sur le volcano plot ou le heatmap. Enfin, chaque fichier importé est affiché sur sa page pour permettre à l'utilisateur de parcourir les tableaux.

	ensgene	SRR1039508	SRR1039509	SRR1039512	SRR1039513	SRR1039516	SRR1039517	SRR1039520	SRR1039521
1	ENSG00000000003	723	486	904	445	1170	1097	806	604
2	ENSG00000000005	0	0	0	0	0	0	0	0
3	ENSG000000000419	467	523	616	371	582	781	417	509
4	ENSG000000000457	347	258	364	237	318	447	330	324
5	ENSG000000000460	96	81	73	66	118	94	102	74
6	ENSG000000000938	0	0	1	0	2	0	0	0
7	ENSG000000000971	3413	3916	6000	4308	6424	10723	5039	7803
8	ENSG000000001036	2328	1714	2640	1381	2165	2262	2175	1786

Figure ? : Exemple de l'importation de la table de comptage. L'utilisateur peut parcourir les pages de 20 entités du tableaux par une recherche ou en choisissant la page.

Partie 3 : DESeq2

DESeq2 est lancé grâce à un bouton "Run DESeq2 workflow". En appuyant sur ce bouton, un écran d'attente va s'afficher le temps que le processus se termine. Durant cette attente, la fonction `DESeqDataSetFromMatrix()` va permettre de stocker les valeurs d'entrée, les calculs intermédiaires et les résultats d'une analyse de l'expression différentielle. Afin de faire fonctionner correctement cette partie, un design est demandé lors de l'importation du fichier metadata. Ce design doit correspondre à un facteur permettant de distinguer les deux groupes différents d'échantillons. Il faut donc faire le bon

choix lors de l'élaboration du design garder la ou les bonnes colonnes du fichier metadata. On appelle une "colonne linéaire" une colonne dont toutes les valeurs en lignes sont différentes. Si une colonnes dite "linéaire" se trouve dans le design, alors l'application risque de crash au moment du lancement du processus DESeq2. Il sera donc nécessaire de la redémarrer. Avec un bon design, le DESeq2 est lancé et les résultats s'affichent après une dizaine de secondes d'attente.

Ensuite, la fonction DESeq() permet de faire une analyse en 3 étapes :

- Estimation des facteurs de taille
- Estimation de la dispersion
- Ajustement de la loi binomiale négative et test de Wald

La statistique de Wald est un test de significativité du coefficient de régression ; elle est basée sur la propriété de normalité asymptotique de l'estimation du maximum de vraisemblance. Pour finir le processus DESeq2, les résultats sont extraits sous forme de tableau grâce à la fonction results(). Dans ce tableau on retrouve les moyennes des échantillons, les log2foldchange, les erreurs standards, les statistiques de tests, les p-values et les p-values ajustées. Ces résultats vont être importants pour permettre d'établir les graphiques de la section "Résultats".

Partie 4 : Résultats

On retrouve plusieurs sortes de résultats sous forme de graphiques. Tous les graphiques sont faits grâce au package ggplot2 mais aussi DESeq2 pour le graphique de dispersion et l'ACP et NMF pour les heatmaps. Tous ces graphiques sont directement disponible dès la fin du processus de DESeq2 sauf 3. En effet, l'ACP et les deux heatmaps sont affichés après une seconde étape qui va permettre de lancer les fonctions capables de réaliser ces graphiques.

Le premier disponible est un graphique de comptage de données ("count distribution") qui montre la fréquence de reads par échantillons. Il est possible de choisir l'échantillon que nous voulons visualiser ainsi que la portée de l'axe de abscisses et la dimension des barres sur le graphique. Ensuite, on retrouve un graphique permettant de visualiser le nombre de reads par échantillons et par gènes. Il y a donc

la possibilité de choisir le gène que l'on veut visualiser. Pour continuer, nous trouvons un barplot témoignant de la profondeur pour chaque échantillon avec la possibilité de choisir la largeur des barres. Chacun de ces trois graphiques proposent une option pour visualiser les données avant et après normalisation.

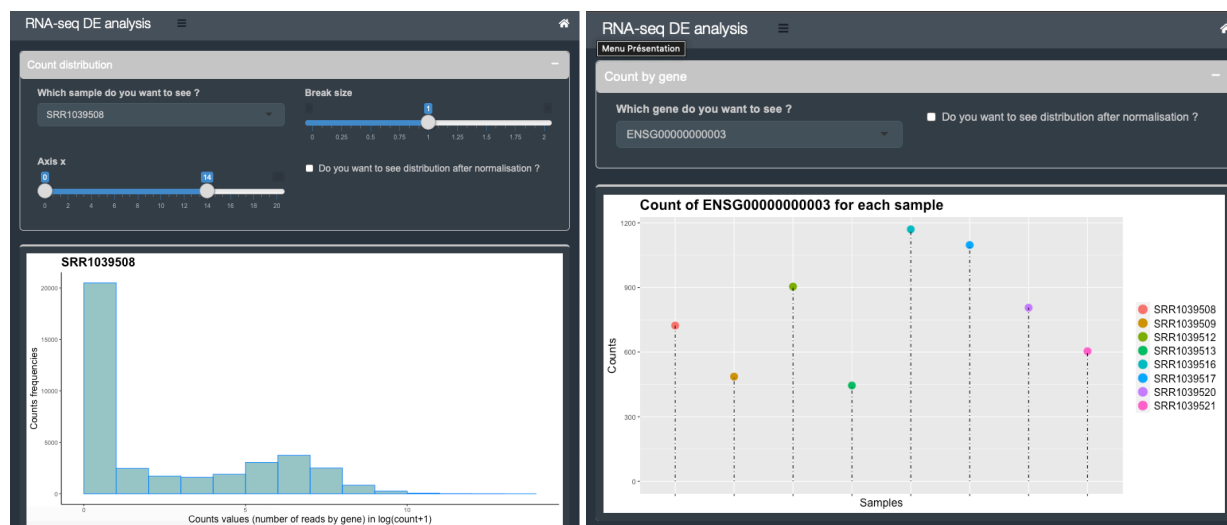


Figure ? : Exemple de pages pour les graphiques de count distribution (gauche) et du comptage de reads par gènes (droite). On remarques les options comme la normalisation, la taille des barres ou le choix de l'échantillon ou du gène.

La dispersion est un paramètre décrivant la déviation de la variance par rapport à la moyenne. Un graphique montrant la relation entre la dispersion et la moyenne des comptages

- dispersion
- PCA
- MAplot
- Volcano
- Distance matrix
- Gene expression heatmap

Chacun des graphiques est téléchargeable au format .png en bas de chaque page.

Customisation

Nous avons utilisé différents outils pour rendre plus agréable l'utilisation de l'application sur le plan visuel. A l'aide du langage HTML nous avons pu modifier des thèmes déjà existants. En effet, nous avons décidé de créer un bouton permettant de choisir entre 2 thèmes : un thème foncé et un thème clair selon les préférences de l'utilisateur. Pour cela nous avons utilisé le package *dashboardthemes* qui propose différents thèmes dont ceux utilisés : `grey_dark` et `grey_light`. Il a fallu modifier le thème `grey_dark` car il affichait une police noire sur un fond foncé dans les tableaux. C'était donc difficilement lisible. Pour se faire, nous avons dû récupérer le code du thème sur le [git](#) de Nik. L. présentant le package et modifier ou ajouter certains codes HTML directement sur R de façon à ce que tout soit optimisé.

Nous avons aussi fait en sorte d'améliorer le visuel de nos graphiques. Pour cela nous avons donc utilisé `ggplot2`, le package permettant de faire des graphiques plus élégants. Ainsi les couleurs, les tailles des titres et des légendes et le texte sur les graphiques ont pu être modifiés ou ajoutés pour compléter et améliorer au mieux chacun des graphiques.

Pour finir, nous avons mis en place un bouton accueil grâce au langage HTML. Ce bouton est placé en haut à droite de l'écran, dans l'en-tête et permet à tout moment de retourner sur la page d'accueil qui est la page d'information sur l'application. De plus, toujours grâce au langage HTML, nous avons ajouté un pied de page dans lequel on retrouve des informations sur les développeurs de l'application ainsi que le [git](#) sur lequel on retrouve tout le travail réalisé.

Conclusion et perspectives

Tout d’abord avant de conclure il est important de replacer le projet dans son contexte. Le but principal était d’aborder de nouveaux outils nous permettant d’évoluer et progresser sous l’environnement R ainsi que trouver des outils permettant l’accessibilité à ces mêmes outils. Dans ce sens, ce projet nous a permis de découvrir le dépôt de packages Bioconductor qui fournit de nombreux packages destinés à la bioinformatique. Nous avons donc pu nous concentrer sur le package *DESeq2* pour une analyse d’expression différentielle. Nous avons grâce à ce package appris dans un premier temps à mieux comprendre l’analyse d’expression différentielle de données RNA-seq pour ensuite réaliser notre propre analyse d’expression différentielle à partir de données récupérées d’un article traitant la compréhension des mécanismes de traitement de l’asthme. Et c’est à partir de cette analyse que nous avons pu répondre à notre problématique de l’accessibilité des résultats. Nous avons donc réalisé une application interactive suivant le workflow de notre analyse d’expression différentielle sous *DESeq2*. Cette application permet à tout possesseur d’une table de comptage de reads et de son design associé de réaliser un workflow de manière automatisé tout en ayant la possibilité de choisir ses propres paramètres. Toute la partie création de cette application nous a permis de découvrir le package *Shiny* et d’apprendre son utilisation et son fonctionnement. Au-delà du package en lui même, cette démarche nous a permis l’apprentissage de bases importantes dans le langage html ainsi que quelques notions nécessaires pour la customisation dans le langage CSS. La finalité de ce projet est donc l’acquisition de nouvelles compétences dans l’analyse de données RNA-seq sous R ainsi que de nouvelles compétences dans différentes formes de mise en forme de résultats et leur accessibilité à d’autres. Maintenant que nous nous sommes familiarisés à ces différents outils nous pourrions aller plus loin dans notre application et dans l’analyse de données RNA-seq en étudiant d’autres outils permettant de compléter notre analyse. Notamment en apprenant à utiliser les packages permettant de réaliser les étapes précédentes l’obtention de la table de comptage, ce qui permettra d’avoir une application prête à l’utilisation dès l’obtention des fichiers fastQ.

Bibliographie

1. Himes BE, Jiang X, Wagner P, et al. RNA-Seq transcriptome profiling identifies CRISPLD2 as a glucocorticoid responsive gene that modulates cytokine function in airway smooth muscle cells. PLoS One. 2014;9(6):e99625. Published 2014 Jun 13. doi: [10.1371/journal.pone.0099625](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0099625)
2. Koch CM, Chiu SF, Akbarpour M, et al. A Beginner's Guide to Analysis of RNA Sequencing Data. Am J Respir Cell Mol Biol. 2018;59(2):145-157. doi: [10.1165/rcmb.2017-0430TR](https://doi.org/10.1165/rcmb.2017-0430TR)
3. Julien Delafontaine. (2013, septembre 11). Analyse de données RNA-seq : mode d'emploi. Consulté à l'adresse <https://bioinfo-fr.net/lanalyse-de-donnees-rna-seq-mode-demploi>
4. Bioconductor - Home. (2003). Consulté à l'adresse <https://www.bioconductor.org/>
5. Wickham, H. (2016). Mastering Shiny. Consulté à l'adresse <https://mastering-shiny.org/>
6. Nik. L. (2018, mars 4). nik01010/dashboardthemes. Consulté à l'adresse <https://github.com/nik01010/dashboardthemes>

Résumé

Abstract

Annexe 1 : Script R pour l'analyse RNAseq via DESeq2

```
#Library
library(DESeq2)
library(Biobase)
library(tidyverse)

### import data ----
#Firstly we import the 3 data table which we will use during this analysis.
#The "counts_table" contains the counting of read mapped on each genes by samples,
#"airway_metadata" contains the information about the samples design
#and "anno" contains the informations about the genes.
counts_table <- read.csv("Data/airway_scaledcounts.csv")
airway_metadata <- read.csv("Data/airway_metadata.csv")
anno <- read.csv("Data/annotables_grch38.csv")
anno <- anno %>% select(ensgene,symbol)

### Create the dds object ---
dds <- DESeqDataSetFromMatrix(counts_table,colData=airway_metadata,design = ~dex,tidy = TRUE)
# Set reference of experience, here "control"
colData(dds)$dex <- relevel(colData(dds)$dex , ref="control")
# To display experiment design.
colData(dds)
# To display column which biological condition is set.
design(dds)

### Explore data ----
#Transformation of dds counts table in data frame to use ggplot package
count_table_dds <- as.data.frame(counts(dds))
#vizualisation of count distribution ----
#To facilitate the vizualisation we use the log-freq of each count value "log(count+1)"
for( i in 1:8){
  p <- ggplot(data=count_table_dds, aes(log(count_dds[,i]+1))) +
    geom_histogram(breaks=seq(0,14,1),col="black",fill="grey")+
    theme_light()+
    labs(title=colnames(count_table_dds)[i],
         x="Count value (number of read by genes) in log(count+1)",
         y="Count frequency") +
    theme_bw()
  plot(p)
}
#Number for Null for each sample ----
apply(count_table_dds, 2 ,FUN = function(x) sum(x==0))
#vizualisation of depth for each sample using deph.plot function ----
depth <- colSums(count_table_dds)
depth <- as.data.frame(depth)
depth$sample <- row.names(depth)
ggplot(depth, aes( x=sample ,y=depth))+
  geom_bar(stat="identity",col="black", fill="white")+
  labs(title = "Depth of each sample", x="Sample", y="Depth")+
  theme_bw()

#Differential expression analysis and normalization ----
dds <- DESeq(dds)
#Extraction of the DE result
res <- results(dds,tidy = TRUE)
# The scale factor resulting of normalization are stock in size factor of our design.
colData(dds)
#Depth of count table after normalization ----
depth_normalize <- colSums(counts(dds, normalized= TRUE))
depth_normalize <- as.data.frame(depth_normalize)
depth_normalize$sample <- row.names(depth_normalize)
ggplot(depth_normalize, aes( x=sample ,y=depth_normalize))+
  geom_bar(stat="identity",col="black", fill="white")+
  labs(title = "Depth of each sample", x="Sample", y="Depth")+
  theme_minimal()
#vizualisation of count distribution after normalization ----
count_normalize <- counts(dds, normalized= TRUE)
count_normalize <- as.data.frame(count_normalize)
for(i in 1:8){
  p <- ggplot(data=count_normalize, aes(log(count_normalize[,i]+1))) +
    geom_histogram(breaks=seq(0,14,1),col="black",fill="grey")+
    theme_light()+
    labs(title=colnames(count_normalize)[i],
         x="Count value (number of read by genes) in log(count+1)",
         y="Count frequency")
  plot(p)
}
```

```

}

# Dispersion plot ----
# Relationship between dispersion and counts means.
# DESeq2 offer a function that can directly display a plot which describe
# the relation ship between dispersion and count mean.

DESeq2::plotDispEsts(dds, main= "Relationship between dispersion and counts means")
# We obtain a plot that show the final estimate which are obtain after
# shrunk of genes estimate and we finally observe the fitted estimate. We can also observed outliers value.

### DE analysis results ----

# Show a summary of DE results at alpha = 0.05

summary(results(dds), 0.05)

# Number of genes which is differential express at 5%
up_regulated <- res %>% filter(padj <= 0.05 & log2FoldChange > 0) %>% nrow()
down_regulated <- res %>% filter(padj <= 0.05 & log2FoldChange < 0) %>% nrow()
tb <- table(res$padj <= 0.05, useNA="always")
tb.DE <- data.frame("No DE" = tb[1], "Down regulated" = down_regulated,
                    "Up regulated" = up_regulated, "NA" = tb[3] )
row.names(tb.DE) <- ""
tb.DE

# MA plot : relationship between mean count of a gene and it log2 ratio between the two conditions
res <- as.data.frame(res)
res <- res %>% mutate(sig=padj<0.05)

ggplot(res, aes(x = baseMean, y = log2FoldChange, col = sig)) +
  geom_point() +
  scale_x_log10() +
  geom_hline(yintercept = 0, linetype = "dashed", color = "black") +
  ggtitle("MA plot") + theme_bw()

# Volcano plot at alpha 0.5
# Show ID of the most DE gene
res_v <- res %>% mutate(sig=padj<0.05) %>% arrange(padj) %>%
  inner_join(anno, by=c("row"= "ensgene"))

ggplot(res_v, aes(x=log2FoldChange, y=-log10(padj), col=sig)) +
  geom_point() +
  ggtitle("Volcano plot labelling top significant genes") +
  geom_text_repel(data = subset(res_v, (-log10(padj) > 30 |
                                     log2FoldChange > 6 |
                                     log2FoldChange < -6)),
                 aes(label = symbol),
                 size = 4,
                 box.padding = unit(0.35, "lines"),
                 point.padding = unit(0.3, "lines"), color = "darkblue") +
  scale_colour_discrete(name="",
                        labels=c("Not significant", "Significative", "NA")) +
  guides(color = guide_legend(override.aes = list(size=5))) +
  geom_vline(xintercept=0, linetype="dashed", color = "red") +
  theme(legend.text=element_text(size=13)) +
  theme(axis.title.x = element_text(size=14)) +
  theme(axis.title.y = element_text(size=14))

# PCA
# Two PCA with two different transformation
vsdata <- vst(dds, blind=FALSE)
plotPCA(vsdata, intgroup="dex")

rld <- rlogTransformation(dds, blind = FALSE)
plotPCA(rld, intgroup="dex")

# Distance matrix for sample
library(RColorBrewer)
library(gplots)
dists <- dist(t(assay(vsdata)))
mat <- as.matrix(dists)
hmcol=colorRampPalette(brewer.pal(9,"GnBu"))(100)
heatmap.2(mat, trace="none", col = rev(hmcol), margin=c(13,13))

# Heatmap of gene expression for 50 better DE gene
library(NMF)

```

```

res <- tbl_df(res)
res <- res %>%
  arrange(padj) %>%
  inner_join(anno, by=c("row"="ensgene")) %>%
  filter(padj<0.05)
NMF::aheatmap(assay(vsddata)[arrange(res, padj, pvalue)$row[1:50],],
  labRow=arrange(res, padj, pvalue)$symbol[1:50],
  scale="row", distfun="pearson",
  annCol=dplyr::select(airway_metadata, dex, celltype),
  col=c("green", "black", "black", "red"))

```

Annexe 2 : Scripts R pour l'application Shiny

2.1 Interface utilisateur

```
### Library ----
### here we find all library need for proper functioning of app
library(shiny)
library(shinydashboard)
library(shinyjs)
library(dplyr)
library(tidyverse)
library(vroom)
library(DT)
library(DESeq2)
library(shinyWidgets)
library(shinythemes)
library(waiter)
library(dashboardthemes)
library(shinycssloaders)
library(shinydashboardPlus)
### Files with all the function needed to make plots ----
source("function_dds.R")

### Annotation pannel ----
parameters_Annotation <- tagList(
  tags$style("#paramsAnno { display:none; }"),
  ### parameter_tabs is a tabsetPanel for input annotation page
  ### it allow to switch between panel when we use updateTabsetPanel()
  ### in our case it is when we check right annotation boxes of input annotation page
  tabsetPanel(
    id="paramsAnno",
    tabPanel("nothing"),
    tabPanel("annotation",
      fluidRow(
        column(width= 6,
          box(title="Upload annotation file",width = 12, solidHeader = TRUE,collapsible = TRUE,
            column(width=5,selectInput("sep_Anno", "Separator:", c("Comma" = ",", "Tab" = "\t",
              "Semi-colon" = ";"))),
            fileInput("AnnotationFile", "Upload annotation file",
              accept = c(".csv",".txt",".tsv"))),
          column(width= 6,
            box(
              title = "Accepted files :", width = 12,
              HTML(
                "<li> .csv / .tsv / .txt files </li>"
                "<li> Separated by tabulation, comma or semi-colon </li>"
                "<li> One column with genes symbols named 'symbol'</li>"
              ),
              height = 160
            )
          )
        )
      )
    )
  )
)

### User Interface ----
### UI is a shinydashboard, we use library shinydashboard to set up a dashboard UI
### a dashboard is compound of :
### - a Header
### - a sidebar
### - a body
ui <- tagList(
  ### Parameters of the dashboard ----
  div(
    id = "app",
    dashboardPage(
      ### Customize the header ----
      ### header is composate of :
      ### - a title
      ### - a home bouton which on click return user on introduction page
      dashboardHeader(title = "RNA-seq DE analysis",
        uiOutput("themes"),

        ### Home button ----
        tags$li(a(onclick = "openTab('Intro')",
```

```

        href = NULL,
        icon("home"),
        title = "Homepage",
        style = "cursor: pointer;"),
    class = "dropdown",
    tags$script(HTML("
        var openTab = function(tabName){
        $('a', $(''.sidebar')).each(function() {
        if(this.getAttribute('data-value') == tabName) {
        this.click()
        };
        });
        }"))))
),

### Sidebar ----
### Sider bar is composite of a sidebar menu
### in this sidebar menu we have menu item which is associate with a tab of body dashboard
dashboardSidebar(
  sidebarMenu(id="mysidebar",
    menuItem(text = "Informations", tabName = "Intro", icon = icon("info-circle")),
    menuItem(text = "1 Upload data", tabName = "upload", icon = icon("arrow-circle-up"),
      startExpanded = TRUE,
      # menuItem which are set up in the server function
      menuItemOutput("CountTable"),
      menuItemOutput("MetadataTable"),
      menuItemOutput("AnnotationTable")),
    menuItem(text = "2 Run DESeq2", tabName = "deseq2", icon = icon("play-circle")),
    menuItemOutput("menuResults"),
    tags$hr(), # a simple line
    # this menu generate a switch button to set theme of dashboard
    # two options are available a light or dark mode
    menuItem(icon = NULL,
      materialSwitch(inputId = "theme", label = "Theme", status = "default", value= TRUE)
    ), tags$hr()
  ),
),
### Dashboard body ----
### Organization of the differents pages associate with their menuItem
dashboardBody(
  useShinyjs(),
  fluidRow(
    tabItems(
      ### Introduction ----
      ### introduction page associate with menuItem "Informations"
      ### In this page we find all information about application
      ### in particular how it works and different tool used to generate DE analysis
      ### to generate layout html tag provide by shiny library are used
      ### withSpinner() of shinycssloaders library is use to generate waiting screen during load of img
      tabItem(tabName = "Intro",
        fluidPage(
          h2("Introduction"),
          p("This is an R Shiny web interactive application developed as part of a ",
            strong("course project."), "The purpose of this application is to perform a ",
            strong("differential expression analysis from a counts table"),
            "in order to help
            researchers getting interpretable results.",
            align = "justify"),
          p("This application uses the package ",
            a("DESeq2", href="https://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/DESeq2.html"),
            "from Bioconductor. It is a package to study differential gene expression analysis
            based on the negative binomial distribution. It allows a quick visualization of results
            in order to analyze the counts table data. The results will be given in different forms
            like graphics, heatmaps, MAplot or even Volcano plot.",
            align = "justify"),
          tags$hr(),
          h3("1. Upload data", style="padding-left: 1em"),
          p("The input data files accepted for this App are 3 files in '.txt', '.csv' or '.tsv'
            format separated by comma, tabulation or semi-colon.
            This App necessarily requires a 'Count Data Table' and a 'Metadata Table'. An optional
            'Annotation File' can be added", style="padding-left: 2em", align = "justify"),
          h4("1.1 Count Data Table", style="padding-left: 3em"),
          p("The Count Data Table must contain the count for each sample of the experiment for each
            gene and the first column must be gene ID or gene name as below :",
            style="padding-left: 5em", align = "justify"),
          column( 12, style="padding-left: 5em", withSpinner(tableOutput("countExample"))),
          br(),
          h4("1.2 Metadata Table", style="padding-left: 3em"),
          p("The Metadata table must contain the information of the experiment with at least

```

```

2 columns. The first one corresponds to the samples in the same order as the columns of
the Count Table.
The second one is a condition column. You can add as many columns as you have factors
in your experiment.",style="padding-left: 5em", align = "justify"),
column( 12, style="padding-left: 5em",withSpinner(tableOutput("metadataExample"))),
h4("1.2 Annotation File", style="padding-left: 3em"),
p("The Annotation File contains informations about the genes. If you have one, it must
contain a column named 'symbol' in which we can find the symbol of each gene.",
style="padding-left: 5em", align = "justify"),
column( 12, style="padding-left: 5em",withSpinner(tableOutput("annoExample"))),
h3("2. Results", style="padding-left: 1em"),
p("The results will be display after running DESeq2. You will obtain 9 differents
results :", style="padding-left: 2em", align = "justify"),
p("- Count distribution",
br(), "- Count by gene",
br(), "- Depth of sample",
br(), "- Dispersion",
br(), "- PCA",
br(), "- MA plot",
br(), "- Volcano plot",
br(), "- Distance matrix",
br(), "- Heatmap",style="padding-left: 5em", align = "justify"),
p("You can download all the results plots at the bottom of all these pages.",
style="padding-left: 2em", align = "justify")
),
),
### Upload count table ----
### upload page of count table of RNA-seq experience
### this page is associate with menuItemOuput("")
### On this page we find :
### - a box which contain :
### - a selectInput of separator
### - a fileInput to upload count table of RNA-seq experience
### - a box which contain :
### - information about file accepted in fileInput
### - a dataTableOutput of count table input in fileInput
tabItem(tabName = "CountData",
column(width = 6,
box(title="Upload count table",width = 12, solidHeader = TRUE,collapsible = TRUE,
column(width=5,
selectInput("separator_Count", "Separator:", c("Comma" = ",",
fileInput("CountDataTable", "Upload count table",
accept = c(".csv", ".txt", ".tsv"))
)),
column(width = 6,
box(
title = "Accepted files :", width = 12,
HTML(
"<li> .csv / .tsv / .txt files </li>
<li> Separated by tabulation, comma or semi-colon </li>
<li> First column has to be gene ID or gene name</li>
<li> All others columns are count for each sample</li>"),
height = 160
)),
dataTableOutput("CountReadTable")
),
### Upload metadata table ----
### upload page of metadata file of RNA-seq experience
### this page is associate with menuItemOuput("")
### On this page we find :
### - a box which contain :
### - a selectInput of separator
### - a fileInput to upload metadata of RNA-seq experience
### - a box which contain :
### - information about file accepted in fileInput
### - a box which contain :
### - a text input to chose design formula to set for DESeq2 dataset object
### - a dataTableOutput of metadata input in fileInput
tabItem(tabName = "Metadata",
column(width = 6,
box(title="Upload metadata table",width = 12, solidHeader = TRUE,collapsible = TRUE,
column(width=5,
selectInput("separator_Metadata", "Separator:",
c("Comma" = ",", "Tab" = "\t", "Semi-colon" = ";")),
fileInput("MetadataFile", "Upload metadata table",
accept = c(".csv", ".txt", ".tsv"))
)),
column(width = 6,
box(

```

```

        title = "Accepted files :", width = 12,
        HTML(
            "<li> .csv / .tsv / .txt files </li>"
            "<li> Separated by tabulation, comma or semi-colon </li>"
            "<li> At least metadata table contains two columns</li>"
            "<li> At least one column has to be factor</li>"),
        height = 160
    )),
    column(width = 12,
        box(width = 12,
            textInput("DesignDESeq2", "Choose your design without linear combination",
                placeholder = "Conditions"))),
    dataTableOutput("MetaTable")
),
### Upload annotation file ----
### upload page of annotation file associate with the RNA-seq experience
### this page is associate with menuItemOutput("")
### on this page we find :
### - a box with :
###     - a checkboxInput :
###         - if box is check on : parameter_tabs is set on annotation
###         - On this page we find :
###             - a box which contain :
###                 - a selectInput of separator
###                 - a fileInput to upload metadata of RNA-seq experience
###             - a box which contain :
###                 - information about file accepted in fileInput
###         - if box is check off : parameter_tabs is set on nothing
###         - On this page we find : nothing
    tabItem(tabName = "Annotation",
        fluidPage(
            box(width = 12,
                checkboxInput("CheckAnnotation", "Do you have an annotation file ?", value=FALSE)),
            fluidRow(
                parameters_Annotation),
            dataTableOutput("AnnoTable")
        )
    ),
### Run DESeq2 ----
### On this page we find little information about how run DESeq2 workflow
### a actionButton when press it run DESeq2 workflow
### a uiOutput("") set on server function
    tabItem(tabName = "deseq2",
        waiter::use_waiter(),
        fluidPage(
            box(width = 12, solidHeader = F,
                HTML(" <center><h3>Here you gonna run DESeq2 workflow.</h3> </pre>"
                    "<br><p> Check if your design chosen previously is correct."
                    "<br>If it is not, the application will crash.</p>"
                    "<br><h7>This will take a few seconds.</h7></center>")),
            box(width = 12,
                actionButton("RunDESeq2", "Run DESeq2 Workflow ", icon = icon("fas fa-user-astronaut"),
                    class="btn btn-danger btn-lg btn-block ")),
            uiOutput("SuccessMessage")
        )
    ),
### Count distribution page ----
### On this page we find count distribution plot and it parameters after running DESeq
### On this page we find :
### - a box() which contain :
###     - selectInput of sample which set sample on
###     count.distribution.plot function
###     - sliderInput of break width which set break.width on count.distribution.plot function
###     - sliderInput range of x.axis which set x.min and x.max on count.distribution.plot
###     function
### - a box() which contain :
###     - return of count.distribution.plot
    tabItem(tabName = "Count_Distribution",
        box(title="Count distribution", solidHeader = T, status = "primary", width=12,
            collapsible = TRUE,
            column(width = 6,
                selectInput("sample", "Which sample do you want to see ?", choices = c())
            ),
            column(width = 6,
                sliderInput("breaksDistribution", "Break size", min=0, max=2, value=1.0, step = 0.25)
            ),
            column(width = 6,
                sliderInput("axis", "Axis x", min=0, max=20, value=c(0,14))
            )
        )
    )

```

```

    ),
    column(width = 6, checkboxInput("normalizeDistribution","Do you want to see distribution
                                     after normalisation ?",value=FALSE)
    )
  ),
  box(width=12,status = "primary",withSpinner(plotOutput("CountDistributionPlot"))),
  column(width= 4,
    downloadButton("downloadDistribution",'Download plot',class = "btn-warning")
  )
),
### Count by gene page ----
### On this page we find count by gene plot and it parameters after running DESeq
### On this page we find :
### - a box() which contain :
### - selectizeInput of gene which set sample on count.gene.plot function
### - a checkBox normalization if checkbox is check ON dds.count use is normalize, else
### dds.count use is not normalize
### - a box() which contain :
### - return of count.gene.plot
### - a downloadButton to download the generate plot
tabItem(tabName = "Count_Gene",
  box(title="Count by gene",solidHeader = T, status = "primary",width=12,collapsible = TRUE,
    column(width = 6,
      selectizeInput("gene","Which gene do you want to see ?", choices = NULL)
    ),
    column(width = 6, checkboxInput("normalizeCountGene","Do you want to see distribution
                                     after normalisation ?",value=FALSE)
    )
  ),
  box(width=12,status = "primary",withSpinner(plotOutput("CountGenePlot"))),
  column(width= 4,
    downloadButton("downloadCountgene",'Download plot',class = "btn-warning")
  )
),
### Depth plot ----
### On this page we find depth sample plot and it parameters after running DESeq
### On this page we find :
### - a box() which contain :
### - sliderInput of break width which set break.width on depth.plot function
### - a checkBox normalization if checkbox is check ON dds.count use is normalize, else
### dds.count use is not normalize
### - a box() which contain :
### - return of depth.plot
### - a downloadButton to download the generate plot
tabItem(tabName = "Depth",
  box(title="Depth of Sample",width = 12,solidHeader = T, status = "primary",
    collapsible = TRUE,
    sliderInput("breaksDepth","Bar size",min=0,max=4,value=0.75,step = 0.25),
    checkboxInput("normalizeDepth","Do you want to see depth after normalisation ?",
      value=FALSE)
  ),
  box(width=12,status = "primary",withSpinner(plotOutput("depth",height = 500))),
  column(width= 4,
    downloadButton("downloadDepth",'Download plot',class = "btn-warning")
  )
),
### PCA plot ----
### On this page we find PCA plot and it parameters after running DESeq
### We find :
### - a box() which contain :
### - a selectInput of intgroup for pca.plot function
### - a selectInput to chose transformation for pca.plot
### - a actionButton to run pca?plot function
### - a box() which contain :
### - return of pca.plot
### - a downloadButton to download the generate plot
tabItem(tabName = "pca",
  box(width = 12,
    title = "PCA", solidHeader = T, status = "primary",collapsible = TRUE,
    selectInput("TransformationPCA",label= "Choose your transformation",
      choices = c("Variance-stabilizing transformation"="vst",
        "Log transformation"="rld")),
    selectInput("conditionpca","Choose your intgroup for PCA ?", choices = c()),
    actionButton("runPCA","Run PCA")
  ),
  box(solidHeader = F, status = "primary",width = 12,
    withSpinner(plotOutput("PCAplot",height = 650))),
  column(width= 4,
    downloadButton("downloadPCA",'Download plot',class = "btn-warning")
  )
)

```



```

    )
  ),
  ### Dispersion plot ----
  ### On this page we find dispersion plot after running DESeq
  ### We find :
  ### - a box() which contain :
  ### - return of dispersion.plot
  ### - a downloadButton to download the generate plot
  tabItem(tabName = "Dispersion",
    box(width = 12,
      title = "Dispersion", solidHeader = T, status = "primary", collapsible = TRUE,
      withSpinner(plotOutput("dispersionPlot", height = 650))),
    column(width = 4,
      downloadButton("downloadDispersion", 'Download plot', class = "btn-warning")
    )
  ),
  ### MA plot ----
  ### On this page we find MA plot and its parameters after running DESeq
  ### We find :
  ### - a box() which contain :
  ### - sliderInput of P.value which set p.val of ma.plot function
  ### - a tableOutput() of number.DE.gene function
  ### - a box() which contain :
  ### - return of ma.plot
  ### - a downloadButton to download the generate plot
  tabItem(tabName = "MAplot",
    box(width = 12,
      title = "MA plot", solidHeader = T, status = "primary", collapsible = TRUE,
      sliderInput("pvalueMAplot", "Choose your pvalue", min=0, max=1, value=0.05),
      tableOutput("numberDEgenes")
    ),
    box(solidHeader = F, status = "primary", width = 12,
      withSpinner(plotOutput("MAplot", height = 650))),
    column(width = 4,
      downloadButton("downloadMAplot", 'Download plot', class = "btn-warning")
    )
  ),
  ### Volcano plot ----
  ### On this page we find MA plot and its parameters after running DESeq
  ### We find :
  ### - a box() which contain :
  ### - sliderInput of P.value which set p.val of volcano.plot function
  ### - a checkbox Yes/No if there is an annotation
  ### - if check Yes uiOutput("sliderFoldVolcano") and uiOutput("SliderLogVolcano") appear
  ### - a box() which contain :
  ### - return of volcano.plot
  ### - a downloadButton to download the generate plot
  tabItem(tabName = "Volcanoplot",
    fluidPage(
      box(width = 12,
        title = "Volcano plot", solidHeader = T, status = "primary", collapsible = TRUE,
        checkboxInput("annotationVolcano", "Do you have an annotation file ?", value=FALSE),
        sliderInput("pvalueVolcano", "Choose your pvalue", min=0, max=1, value=0.05),
        uiOutput("SliderFoldVolcano"),
        uiOutput("SliderLogVolcano")
      ),
      box(solidHeader = F, status = "primary", width = 12,
        withSpinner(plotOutput("volcanoPlot", height = 650))),
      column(width = 4,
        downloadButton("downloadVolcano", 'Download plot', class = "btn-warning")
      )
    )
  ),
  ### distance matrix heat map ----
  ### On this page we find distance matrix heat map and its parameters after running DESeq
  ### We find :
  ### - a box() which contain :
  ### - a selectInput to choose transformation for distance.matrix.heatmap
  ### - a actionButton to run distance.matrix.heatmap function
  ### - a box() which contain :
  ### - return of distance.matrix.heatmap
  ### - a downloadButton to download the generate plot
  tabItem(tabName = "DistanceMatrix",
    box(width = 12,
      title = "Heat map", solidHeader = T, status = "primary", collapsible = TRUE,
      selectInput("TransformationMatrix", label= "Choose your transformation",
        choices = c("Variance-stabilizing transformation"="vst",
          "Log transformation"="rld")),
      actionButton("RunMatrix", "Run Heat map")),
    box(solidHeader = F, status = "primary", width = 12,
      withSpinner(plotOutput("DistanceMatrixMap", height = 650))
    )
  ),

```

```

        column(width= 4,
                downloadButton("downloadDistanceMatrix",'Download plot',class = "btn-warning")
        )
    ),
    ### Gene expression heatmap ----
    ### On this page we find gene expression heatmap and it parameters after running DESeq
    ### We find :
    ### - a box() which contain :
    ### - a selectInput to chose transformation for gene.expression.heatmap
    ### - a selectInput to chose condition for gene.expression.heatmap
    ### - a annotation checkboxInput() for is.Anno of gene.expressions.heatmap function
    ### - a actionButton to run gene.expression.heatmap function
    ### - a sliderInput to set the number of genes to display in gene.expression.heatmap
    ### - a box() which contain :
    ### - return of distance.matrix.heatmap
    ### - a downloadButton to download the generate plot
    tabItem(tabName = "Heatmap",
            waiter::use_waiter(),
            box(width = 12,
                title = "Heat map", solidHeader = T, status = "primary",collapsible = TRUE,
                column(width=6, selectInput("TransformationHeatmap",label= "Choose your transformation",
                    choices = c("Variance-stabilizing transformation"="vst",
                                "Log transformation"="rld")),
                    checkboxInput("annotationHeatmap","Do you have a Annotation file ?",value=FALSE)
                ),
                column(width=6,
                    selectInput("conditionHeatmap","Choose your condition for Heat map ?",
                        choices = c()),
                    actionButton("RunHeatmap","Run Heat map")),
                column(width=12,
                    sliderInput("nbGenes",label="Choose the number of genes you want to display",
                        min = 0,
                        max = 200, value = c(0, 60))),
                box(solidHeader = F, status = "primary",width = 12,
                    withSpinner(plotOutput("Heatmap", height = 1000, width = 1000))
                ),
                column(width= 4,
                    downloadButton("downloadHeatmap",'Download plot',class = "btn-warning")
                )
            )
    ),
    )
),
),
### footer settings ----
tags$footer(
    wellPanel(
        HTML('
            <p align="center" width="4">Developed by
            <a href="https://www.linkedin.com/in/david-gallien-2096b9193/" target="_blank">David Gallien</a> and
            <a href="https://www.linkedin.com/in/gabin-coudray-a1941913b/" target="_blank">Gabin Coudray</a>. </p>
            <p align="center" width="4">First year of
            <a href="http://bioinfo-rennes.fr/" target="_blank">Bioinformatics Master<span>&#39;</span>s degree</a>
            in Rennes. </p>
            <p align="center" width="4">
            <a href="https://www.univ-rennes1.fr/" target="_blank">University of Rennes 1.</a> </p>'
        ),
        style = "position:relative;
                width:100%;
                background-color: #2d3741;"))
    )
)

```

2.2 Serveur

```
### Server ----
server <- function(input, output, session) {
  ### Create dds object with no values
  dds <- reactiveValues()
  ### Increase the authorized size for upload ----
  options(shiny.maxRequestSize=30*1024^2)

  ### Display a count table example in the introduction
  output$countExample <- renderTable({
    countex <- read.csv("countexample.csv", sep=",")
    countex
  })

  ### Display a metadata table example in the introduction
  output$metadataExample <- renderTable({
    metaex <- read.csv("metadataexample.csv", sep=",")
    metaex
  }, na = "")

  ### Display an annotation table example in the introduction
  output$annoExample <- renderTable({
    annoex <- read.csv("annoexample.csv", sep=",")
    annoex
  })

  ### Import the count file ----
  ### csv, tsv or txt files separated by comma, tab or semi-colon
  count_table <- reactive({
    req(input$CountDataTable)
    countTable <- read.csv(input$CountDataTable$datapath, sep = input$separator_Count)
  })

  ### Display the count file ----
  output$CountReadTable <- DT::renderDataTable(count_table(), options = list(pageLength = 20,
    autoWidth = FALSE, scrollX = TRUE, scrollY = '300px'))

  ### Import the metadata file ----
  ### csv, tsv or txt files separated by comma, tab or semi-colon
  metadata <- reactive({
    req(input$MetadataFile)
    meta_table <- read.csv(input$MetadataFile$datapath, sep = input$separator_Metadatas, row.names=NULL)
  })
  ### Display the metadata file ----
  output$MetaTable <- DT::renderDataTable(metadata(), options = list(pageLength = 20, autoWidth = FALSE,
    scrollX = TRUE, scrollY = '300px'))

  ### Design condition for DESeq2 ----
  ### Corresponds to the columns of the metadata table
  observeEvent(input$MetadataFile, {
    updateTextInput(session, "DesignDESeq2", value = paste("~ ", paste(colnames(metadata()), collapse=" + ")))
  })

  ### Check if the user has annotation file to upload
  observeEvent(input$CheckAnnotation, {
    if(input$CheckAnnotation == TRUE){
      updateTabsetPanel(session, "paramsAnno", selected = "annotation")
    } else {
      updateTabsetPanel(session, "paramsAnno", selected = "nothing")
    }
  })

  ### Import annotation file ----
  ### csv, tsv or txt files separated by comma, tab or semi-colon
  anno <- reactive({
    req(input$AnnotationFile)
    read.csv(input$AnnotationFile$datapath, sep = input$sep_Anno)
  })
  output$AnnoTable <- DT::renderDataTable(anno(), options = list(pageLength = 20, autoWidth = FALSE,
    scrollX = TRUE, scrollY = '300px'))

  ### Running DESeq2 clicking on the button ----
  observeEvent(input$RunDESeq2, {
    req(input$RunDESeq2)
    ### Waiting screen
    waiter <- waiter::Waiter$new(html = spin_ball())
    waiter$show()
  })
}
```

```

### DESeq2 process
dds$dds <- DESeqDataSetFromMatrix(count_table(),colData=metadata(),design=as.formula(input$DesignDESeq2),
                                tidy=TRUE)

dds$DESeq2 <- DESeq(dds$dds)
dds$results <- results(dds$DESeq2,tidy=TRUE)

### Display success message after running DESeq2
output$SuccessMessage <- renderUI({
  box(width = 12, solidHeader = F,
      HTML("<center><h3>DESeq2 workflow successfully completed</h3></center>"))
})

### Samples choices for count distribution
updateSelectInput(session,"sample",choices = metadata()[,1])

### Genes choices for count by gene
updateSelectInput(session,"gene",choices = count_table()[,1], server = TRUE)

### Factor choices for PCA
updateSelectInput(session,"conditionpca",choices = colnames(metadata()))

### Factor choices heatmap
updateSelectInput(session,"conditionHeatmap",choices = colnames(metadata()))

### Counts data frame normalized or not
dds$counts_dds <- as.data.frame(counts(dds$DESeq2))
dds$counts_dds_n <- as.data.frame(counts(dds$DESeq2,normalized=TRUE))
### Transposed counts data frame normalized or not
dds$counts_turnup <- as.data.frame(t(dds$counts_dds))
dds$counts_turnup_n <- as.data.frame(t(dds$counts_dds_n))

### End of the waiting screen
on.exit(waiter$hide())
})

### Count distribution ----
### Normalize or not the data
normcount <- reactive({
  if(input$normalizeDistribution==TRUE){
    dds$counts_dds <- as.data.frame(counts(dds$DESeq2,normalized=TRUE))
  }
  else if(input$normalizeDistribution==FALSE){
    dds$counts_dds <- as.data.frame(counts(dds$DESeq2))
  }
})

### Display count distribution plot using count.distribution.plot() function (see function_dds.R)
distribution <- function(){count.distribution.plot(normcount(), sample=input$sample,x.min=input$axis[1],
                                                x.max=input$axis[2],
                                                break.width = input$breaksDistribution)}

output$CountDistributionPlot <- renderPlot({
  validate(
    need(dds$DESeq2, "Please run DESeq2")
  )
  distribution()})
### Download distribution plot in .png format
output$downloadDistribution <- downloadHandler(
  filename = function(){
    paste(input$sample,'.png',sep = '')
  },
  content = function(file){
    ggsave(file, plot = distribution(), device = "png")
  }
)

### Count by gene ----
### Normalize or not the data
normCountGene <- eventReactive(input$normalizeCountGene,{
  if(input$normalizeCountGene==TRUE){
    dds$counts_turnup_n
  }
  else if(input$normalizeCountGene==FALSE){
    dds$counts_turnup
  }
})

### Display Count by gene plot using gene.count.plot() function (see function_dds.R)
countg <- function() {
  gene.count.plot(normCountGene(), input$gene)}

```

```

output$CountGenePlot <- renderPlot({
  validate(
    need(dds$DESeq2, "Please run DESeq2")
  )
  countg()})
### Download Counts by gene plot in .png format
output$downloadCountGene <- downloadHandler(
  filename = "CountByGene.png",
  content = function(file){
    ggsave(file, plot = countg(), device = "png")
  }
)

### Depth ----
### Normalize or not the data
normdepth <- eventReactive(input$normalizeDepth,{
  if(input$normalizeDepth==TRUE){
    dds$counts_dds_n <- as.data.frame(counts(dds$DESeq2,normalized=TRUE))
  }
  else if(input$normalizeDepth==FALSE){
    dds$counts_dds <- as.data.frame(counts(dds$DESeq2))
  }
})
### Display depth plot using depth.plot() function from function_dds.R
depthFunction <- function(){
  depth.plot(normdepth(),break.width= input$breaksDepth)
}
output$depth <- renderPlot({
  validate(
    need(dds$counts_dds, "Please run DESeq2")
  )
  depthFunction()
})
### Download depth file
output$downloadDepth <- downloadHandler(
  filename = "Depth.png",
  content = function(file){
    ggsave(file, plot = depthFunction(), device = "png")
  }
)

### Dispersion ----
### Display dispersion plot using dispersion() function from function_dds.R
dispersionFunction <- function(){
  dispersion(dds$DESeq2)
}
output$dispersionPlot <- renderPlot({
  validate(
    need(dds$DESeq2, "Please run DESeq2")
  )
  dispersionFunction()
})

### Download dispersion plot
output$downloadDispersion <- downloadHandler(
  filename = "Dispersion.png",
  content = function(file){
    png(file)
    dispersionFunction()
    dev.off()
  }
)

### PCA ----
### Needs to run PCA
### 2 possibles transformations : vst or rlog
observeEvent(input$runPCA,{
  if(input$TransformationPCA=="vst"){
    dds$TransformationPCA <- vst(dds$DESeq2, blind=FALSE)
  }else{
    dds$TransformationPCA <- rlogTransformation(dds$DESeq2,blind=FALSE)
  }
})

### Display PCA plot usin pca.plot() function from function_dds.R
PCAfunction <- function(){
  pca.plot(dds$TransformationPCA,input$conditionpca)
}

```

```

output$PCAPlot <- renderPlot({
  withProgress(message = "Running PCA , please wait",{
    validate(
      need(dds$TransformationPCA, "Please run DESeq2 and PCA")
    )
    PCAfunction()
  })})
### Possibility to download the PCA plot
output$downloadPCA <- downloadHandler(
  filename = "PCA.png",
  content = function(file){
    ggsave(file, plot = PCAfunction(), device = "png")
  }
)

### MA plot ----
### Display MA plot using ma.plot() function from function_dds.R
MAplotFunction <- function(){
  ma.plot(dds$results,p.val=input$pvalueMAplot)
}
output$MAplot <- renderPlot({
  validate(
    need(dds$results, "Please run DESeq2")
  )
  MAplotFunction()
})
### Display a table with the number of differential expressed genes
output$numberDEgenes <- renderTable({
  number.DE.gene(dds$results,input$pvalueMAplot)
})
### Download MAplot in .png format
output$downloadMaplot <- downloadHandler(
  filename = "Maplot.png",
  content = function(file){
    ggsave(file, plot = MAplotFunction(), device = "png")
  }
)

### Volcano plot ----
### Display parameters for volcano
### If there is an annotation file, display sliders to choose parameters
observeEvent(input$annotationVolcano,{
  if(input$annotationVolcano== TRUE){
    output$SliderFoldVolcano <- renderUI({
      sliderInput("sliderfold", "Choose your fold", min=-20, max=20, value=c(-6,6))
    })
    output$SliderLogVolcano <- renderUI({
      sliderInput("sliderlog", "Choose your log10", min=0, max=300, value=30)
    })
  }else{
    output$SliderFoldVolcano <- renderUI({})
    output$SliderLogVolcano <- renderUI({})
  }
})

### Display volcano plot using volcano.plot() function from function_dds.R
VolcanoplotFunction <- function(){
  volcano.plot(dds$results,is.anno = input$annotationVolcano, anno = anno() ,p.val=input$pvalueVolcano,
    minlogF=input$sliderfold[1], maxlogF=input$sliderfold[2], minlogP=input$sliderlog,
    count.tb=colnames(count_table()))
}
output$volcanoPlot <- renderPlot({
  validate(
    need(dds$results, "Please run DESeq2")
  )
  VolcanoplotFunction()
})
### Download Volcano plot in .png format
output$downloadVolcano <- downloadHandler(
  filename = "Volcanoplot.png",
  content = function(file){
    ggsave(file, plot = VolcanoplotFunction(), device = "png")
  }
)

```

```

### Distance matrix heatmap ----
### Chose vst or rlog transformation
observeEvent(input$RunMatrix,{
  if(input$TransformationMatrix=="vst"){
    dds$TransformationMatrix <- vst(dds$DESeq2, blind=FALSE)
  }else{
    dds$TransformationMatrix <- rlogTransformation(dds$DESeq2,blind=FALSE)
  }
})
### Display distance matrix using the fonction distance.matrix.heatmap() from function_dds.R
distanceCluster <- function(){
  distance.matrix.heatmap(dds$TransformationMatrix)
}
output$DistanceMatrixMap <- renderPlot({
  withProgress(message = "Running heatmap , please wait",{
    validate(
      need(dds$TransformationMatrix, "Please run DESeq2 and Heat map")
    )
    distanceCluster()
  })})
### Download distance matrix in .png format
output$downloadDistanceMatrix <- downloadHandler(
  filename = "DistanceMatrix.png",
  content = function(file){
    png(file)
    distanceCluster()
    dev.off()
  }
)

### Gene expression heatmap ----
### Chose vst or rlog transformation
observeEvent(input$RunHeatmap,{
  if(input$TransformationHeatmap=="vst"){
    dds$TransformationHeatmap <- vst(dds$DESeq2, blind=FALSE)
  }else{
    dds$TransformationHeatmap <- rlogTransformation(dds$DESeq2,blind=FALSE)
  }
})

### Display heatmap using gene.expression.heatmap() function from function_dds.R
heatmapCluster <- function() {
  input$RunHeatmap
  gene.expression.heatmap(dds$results,dds$TransformationHeatmap,is.anno = input$annotationHeatmap,
    metadata=metadata(),condition = input$conditionHeatmap,
    count.tb=colnames(count_table()),min=input$nbGenes[1],max=input$nbGenes[2],
    anno=anno())
}
output$Heatmap <- renderPlot({
  validate(
    need(dds$TransformationHeatmap, "Please run DESeq2 and Heat map")
  )
  heatmapCluster()
})
### Download heatmap in .png format
output$downloadHeatmap <- downloadHandler(
  filename = "Heatmap.png",
  content = function(file){
    png(file)
    heatmapCluster()
    dev.off()
  }
)

### Theme ----
### Choice between dark or light theme with a switcher button
observeEvent(input$theme,{
  if(input$theme==TRUE){
    output$themes <- renderUI({
      shinyDashboardThemes("grey_dark")
    })
  }else{
    output$themes <-renderUI({
      shinyDashboardThemes("grey_light")
    })
  }
})
}

```

```

### "Input count table" menu in the sidebar
### Change the icon with a check icon when the counts file is imported
menuCount <- reactive({
  if(is.null(input$CountDataTable)==TRUE){
    menuSubItem(text = "1.1 Input count table", tabName = "CountData")
  }else{
    menuSubItem(text = "1.1 Input count table", tabName = "CountData", icon = icon("far fa-check-square"))
  }
})
output$CountTable <- renderMenu({
  menuCount()
})

### "Input metadata table" menu in the sidebar
### Change the icon with a check icon when the metadata file is imported
menuMetadata <- reactive({
  if(is.null(input$MetadataFile)==TRUE){
    menuSubItem(text = "1.2 Input metadata table", tabName = "Metadata")
  }else{
    menuSubItem(text = "1.2 Input metadata table", tabName = "Metadata", icon = icon("far fa-check-square"))
  }
})
output$MetadataTable <- renderMenu({
  menuMetadata()
})

### "Input annotation file" menu in the sidebar
### Change the icon with a check icon when the annotation file is imported
menuAnnotation <- reactive({
  if(is.null(input$AnnotationFile)==TRUE){
    menuSubItem(text = "1.3 Input annotation file", tabName = "Annotation")
  }else{
    menuSubItem(text = "1.3 Input annotation file", tabName = "Annotation",
      icon = icon("far fa-check-square"))
  }
})
output$AnnotationTable <- renderMenu({
  menuAnnotation()
})

### Display "Results" menu when DESeq2 is successfully run
### Put a check icon for the menu where the plots are already display
### The others (PCA and both heatmap) needs to be run
observeEvent(input$RunDESeq2,{
  output$menuResults <- renderMenu({ menuItem(text = "3 Results", tabName = "deseq2", icon = icon("poll"),
    startExpanded = TRUE,
    menuSubItem("Count distribution",tabName = "Count_Distribution",
      icon = icon("far fa-check-square")),
    menuSubItem("Count by gene", tabName = "Count_Gene",
      icon = icon("far fa-check-square")),
    menuSubItem("Depth of sample",tabName = "Depth",
      icon = icon("far fa-check-square")),
    menuSubItem("Dispersion",tabName = "Dispersion",
      icon = icon("far fa-check-square")),
    menuPCA(),
    menuSubItem("MA Plot",tabName = "MAplot",
      icon = icon("far fa-check-square")),
    menuSubItem("Volcano Plot",tabName = "Volcanoplot",
      icon = icon("far fa-check-square")),
    menuDistanceMatrix(),
    menuHeatmap()
  )
})
})

### Menu for PCA menu in sidebar
### Change the icon with check icon when pca is run successfully
menuPCA <- reactive({
  if(input$runPCA){
    menuSubItem("PCA",tabName = "pca",icon = icon("far fa-check-square"))
  }else{
    menuSubItem("PCA",tabName = "pca")
  }
})

```



```

### Menu for Distance matrix in the sidebar
### Change the icon with check icon when heatmap is run successfully
menuDistanceMatrix <- reactive({
  if(input$RunMatrix){
    menuSubItem("Distance matrix",tabName = "DistanceMatrix",icon = icon("far fa-check-square"))
  }else{
    menuSubItem("Distance matrix",tabName = "DistanceMatrix")
  }
})

### Menu for heatmap in the sidebar
### Change the icon with check icon when heatmap is run successfully
menuHeatmap <- reactive({
  if(input$RunHeatmap){
    menuSubItem("Heatmap",tabName = "Heatmap", icon = icon("far fa-check-square"))
  }else{
    menuSubItem("Heatmap",tabName = "Heatmap")
  }
})
}

```

2.3 Fonctions

```
library(DESeq2)
library(Biobase)
library(gplots)
library(RColorBrewer)
library(shiny)
library(tidyverse)
library(NMF)
library(ggrepel)

### Preamble ----
### All of this function can be use after running a DESeq2 workflow.
### You need a DESeq2 dataset to be able to run it.
### - DESeq2 : count table after run counts() on your DESeq2 dataset
###   - depth()
###   - count_distribution()
###   - plotcount()
### - DESeq2 : results object after run DESeq() on your DESeq2 dataset and results() on
###   DESeq() object
###   - maplot()
###   - volcanoplot()
###   - number_of_DE
### - DESeq2 : after run DESeq() on your DESeq2 dataset and do vst() or rlogtransformation() on
###   DESeq() object
###   - pca()
###   - heatmap()
###   - clustering_heatmap()
###   - dispersion()

### Depth plot ----
### depth return a barplot of depth sample with ggplot library
### depth need two argument
### - dds which is a count table of a RNAseq experience which have in column : sample, and in row : gene
### - breaksize which is width of the bar
depth.plot <- function(dds.count, break.width=1){
  depth <- as.data.frame(colSums(dds.count))
  depth$Sample <- row.names(depth)

  return(ggplot(depth, aes( x=Sample ,y=depth[,1]))+
    geom_bar(stat="identity", fill=brewer.pal(n=length(depth$Sample), name="YlGn"), width = break.width)+
    labs(title = "Depth of each sample", x="Samples", y="Depth")+theme_bw()+
    theme(plot.title = element_text(face = "bold", size= 18)) +
    theme(axis.title.x = element_text(size=14)) +
    theme(axis.title.y = element_text(size=14)))
}

### Count distribution plot ----
### count_distribution return an histogram of count values distribution in the log(count+1)
### (to facilitate visualization) format for one sample
### count_distribution need five arguments
### - dds which is a count table of an RNAseq experience which have in column : sample, and in row : gene
### - breaksize which is width of histogram bar
### - sample for which we display the count distribution
### - min which is the min of x axis
### - max which is the max of x axis

count.distribution.plot <- function(dds.count, sample, x.min=0, x.max=14, break.width=1){

  return(ggplot(data=dds.count, aes(log(dds.count[,sample]+1))) +
    geom_histogram(breaks=seq(x.min, x.max, break.width), position="identity", alpha=0.5, fill="darkcyan",
      color="dodgerblue1")+
    theme_classic() +
    labs(title=sample,
      x="Counts values (number of reads by gene) in log(count+1)",
      y="Counts frequencies") +
    theme(plot.title = element_text(face = "bold", size= 18)) +
    theme(axis.title.x = element_text(size=14)) +
    theme(axis.title.y = element_text(size=14))
  )
}
```

```

### Dispersion plot ----
### dispersion return plot obtained by DESeq2::plotDispEsts() function of DESeq2 package
### dispersion just need one argument : a DESeq() object
dispersion <- function(dds){
  DESeq2::plotDispEsts(dds, main= "Relationship between dispersion and counts means")
}

### number of differential express gene ----
### number.DE.gene return a table of DE results with number of TRUE,FALSE and NA in function of pvalue
### number.DE.gene need two arguments
### - dds.result which is a results table obtain by function results() on a DESeq() object
### - p.val which is pvalue accept un DE analysis, padje is set at 0.05

number.DE.gene <- function(dds.result,p.val = 0.05){
  tb.DE <- as.data.frame(table(dds.result$padj <= p.val ,useNA="always"))
  colnames(tb.DE) = c("DE","Genes")
  return(tb.DE)
}

### Plotcount ----
### plotcount return a point plot of read count for one gene in each sample
### plotcount need two argument
### - dds.count which is a count table of a RNAseq experience which have in column : sample, and in row : gene
### - gene which is gene which we want to display read count for each sample

gene.count.plot <- function(dds.count,gene){
  dds1 <- dds.count
  dds1[, "name"] <- row.names(dds1)
  return(
    ggplot(dds1, aes(x=dds1[, "name"], y=dds1[, gene])) +
      geom_point(size=4, aes(colour=factor(name))) +
      geom_segment(aes(x=dds1[, "name"], xend=dds1[, "name"], y=0, yend=dds1[, gene]), linetype="dotted")+
      theme(axis.text.x = element_blank()) +
      labs(title=paste("Count of", gene, "for each sample"), x="Samples", y="Counts") +
      guides(color= guide_legend(title = "Sample", override.aes = list(size=5))) +
      theme(plot.title = element_text(face = "bold", size= 18)) +
      theme(axis.title.x = element_text(size=14)) +
      theme(axis.title.y = element_text(size=14)) +
      theme(legend.text=element_text(size=13)) +
      theme(legend.title=element_blank())
  )
}

### Maplot ----
### maplot return a MA plot of DE
### maplot need two arguments
### - dds.results which is a results table obtain by function results() on a DESeq() object
### - p.val which is pvalue accept un DE analysis, padje is set at 0.05
ma.plot <- function(dds.results,p.val=0.05){
  dds.res <- dds.results %>% mutate(sig=padj<p.val)
  return(ggplot(dds.res, aes(x = baseMean, y = log2FoldChange, col = sig)) +
    geom_point() +
    scale_x_log10() +
    geom_hline(yintercept = 0, linetype = "dashed", color = "black") +
    theme_bw() +
    scale_colour_discrete(name="", labels=c("Not significant", "Significant", "NA")) +
    guides(color = guide_legend(override.aes = list(size=5))) +
    theme(legend.text=element_text(size=13)) +
    theme(axis.title.x = element_text(size=14)) +
    theme(axis.title.y = element_text(size=14))
  )
}

```

```

### VolcanonPlot ----
### volcano.plot generate a volcano plot of DE
### volcano.plot need 8 arguments
### - dds.results which is a results table obtain by function results() on a DESeq() object
### - is.anno if there is an annotation file
### - anno an annotation
### - p.val which is pvalue accept un DE analysis, padje is set at 0.05
### - count.tb which is a count table of a RNAseq experience which have in column : sample, and in row : gene
### - maxlogF : max Fold change in x axis which we set gene ID on geom point
### - minlogF : max Fold change in x axis which we set gene ID on geom point
### - minlogP : min Log10 in y which we set gene ID on geom point
volcano.plot <-function(dds.results, is.anno=FALSE,anno,p.val=0.05,maxlogF=6,minlogF=0,minlogP=30,count.tb){
  if(is.anno == TRUE){
    dds.res <- dds.results %>% mutate(sig=padj<p.val) %>% arrange(padj) %>%
      inner_join(anno,by=c("row"=count.tb[1]))
    return(ggplot(dds.res, aes(x=log2FoldChange, y=-log10(pvalue), col=sig)) +
      geom_point() +
      ggtitle("Volcano plot labelling top significant genes") +
      geom_text_repel(data = subset(dds.res,
        (-log10(pvalue) > minlogP |
        log2FoldChange > maxlogF |
        log2FoldChange < minlogF)),
        aes(label = symbol),
        size = 4,
        box.padding = unit(0.35, "lines"),
        point.padding = unit(0.3, "lines"), color = "darkblue") +
      scale_colour_discrete(name="",
        labels=c("Not significant", "Significative", "NA")) +
      guides(color = guide_legend(override.aes = list(size=5))) +
      geom_vline(xintercept=0,linetype="dashed", color = "red")+
      theme(legend.text=element_text(size=13)) +
      theme(axis.title.x = element_text(size=14)) +
      theme(axis.title.y = element_text(size=14)))
  }else{
    dds.res <- dds.results %>% mutate(sig=padj<p.val) %>% arrange(padj)
    return(ggplot(dds.res, aes(x=log2FoldChange, y=-log10(pvalue), col=sig)) +
      geom_point()+
      scale_colour_discrete(name="",
        labels=c("Not significant", "Significative", "NA")) +
      geom_vline(xintercept=0,linetype="dashed", color = "red") +
      guides(colour = guide_legend(override.aes = list(size = 5))) +
      theme(legend.text=element_text(size=13))+
      theme(axis.title.x = element_text(size=14)) +
      theme(axis.title.y = element_text(size=14)))
  }
}

### PCA ----
### pca.plot generate a pca plot
### pca.plot need 2 arguments
### - dds.resTransf which is an DESeq2 transformate object with vst() or rLogtransformation()
pca.plot <- function(dds.resTransf,intgroup){
  return(
    plotPCA(dds.resTransf, intgroup=intgroup) +
    theme(axis.title.x = element_text(size=14)) +
    theme(axis.title.y = element_text(size=14)) +
    scale_colour_discrete(name="")+
    guides(colour = guide_legend(override.aes = list(size = 5))) +
    theme(legend.text=element_text(size=13))+
    geom_text_repel(
      aes(label = colnames(dds.resTransf)),
      size = 3,
      box.padding = unit(0.35, "lines"),
      point.padding = unit(0.3, "lines"), color = "darkblue")
  )
}

### Distance matrix ----
### distance.matrix.heatmap generate a heatmap of dist between different sample
### distance.matrix.heatmap need just one argument
### - dds.resTransf which is an DESeq2 transformate object with vst() or rLogtransformation()
distance.matrix.heatmap <- function(dds.resTransf){
  dists <- dist(t(assay(dds.resTransf)))
  mat <- as.matrix(dists)
  hmccl=colorRampPalette(brewer.pal(9,"GnBu"))(100)
  return(heatmap.2(mat,trace="none",col = rev(hmccl),margin=c(13,13)))
}

```

```

### Heatmap ----
### gene.expression.heatmap generate a gene expression distance heatmap
### gene.expression.heatmap need 10 argument
### - dds.results which is a results table obtain by function results() on a DESeq() object
### - is.anno if there is an annotation file
### - anno an annotation
### - p.val which is pvalue accept un DE analysis, padj is set at 0.05
### - count.tb which is a count table of a RNAseq experience which have in column : sample, and in row : gene
### - metadata which a design table of an RNA-seq experience
### - dds.resTransf which is an DESeq2 transformate object with vst() or rLogtransformation()
### - condition : design formula of RNA-seq experience
### - min : num of row in results table starting from the top
### - max : num of row in results table starting from the top
gene.expression.heatmap <- function(dds.results, dds.resTransf, is.anno=FALSE, anno, p.val=0.05, metadata,
                                   condition, count.tb, min, max){
  res <- tbl_df(dds.results)
  if(is.anno==TRUE){
    res <- res %>%
      arrange(padj) %>%
      inner_join(anno, by=c("row"=count.tb[1])) %>%
      filter(padj<p.val)

    NMf::aheatmap(assay(dds.resTransf)[arrange(res, padj, pvalue)$row[min:max],],
                  labRow=arrange(res, padj, pvalue)$symbol[min:max],
                  scale="row", distfun="pearson",
                  annCol=dplyr::select(metadata, condition),
                  col=c("green", "black", "black", "red"))
  }else{
    res <- res %>%
      arrange(padj) %>% filter(padj<p.val)

    NMf::aheatmap(assay(dds.resTransf)[arrange(res, padj, pvalue)$row[min:max],],
                  labRow=arrange(res, padj, pvalue)$symbol[min:max],
                  scale="row", distfun="pearson",
                  annCol=dplyr::select(metadata, condition),
                  col=c("green", "black", "black", "red"))
  }
}

```