Renaudpack2 - tuto

Contents

Dernière mise à jour : 27-12-2019

1 Introduction

Il s'agit d'un tuto pour mes fonctions perso, réunnies dans le package au doux sobriquet de `Renaudpack2`

Depuis peu l'installation est possible via Github, c'est ultra simple en utilisant une fonction du package `devtools`, qu'il faut donc potentiellement installer si ce n'est déjà fait :

1.1 Pour l'installer

```
install.packages("devtools")
#? ne faire que si vous n'avez jamais installé devtools
library(devtools)
devtools::install_github("RenaudJau/Renaudpack2")
```

1.2 Pour le mettre à jour

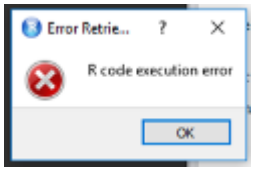
```
install.packages("devtools")
#? ne faire que si vous n'avez jamais install? devtools

library(devtools)
devtools::update_packages("Renaudpack2")
```

1.3 Pour le charger

Comme n'importe quel package, avec `library` :

```
library(Renaudpack2)
```

Si jamais il y a un message d'erreur du style de l'impression ?cran ci-apr?s :



Je ne sais pas encore d'où ça vient, mais en redémarrant R `Session > Restart R` ou `Ctrl+Shift+F10`, et en refaisant `library(Renaudpack2)` ?a semble fonctionner.

2 Les fonctions graphiques pour les analyses univari?es

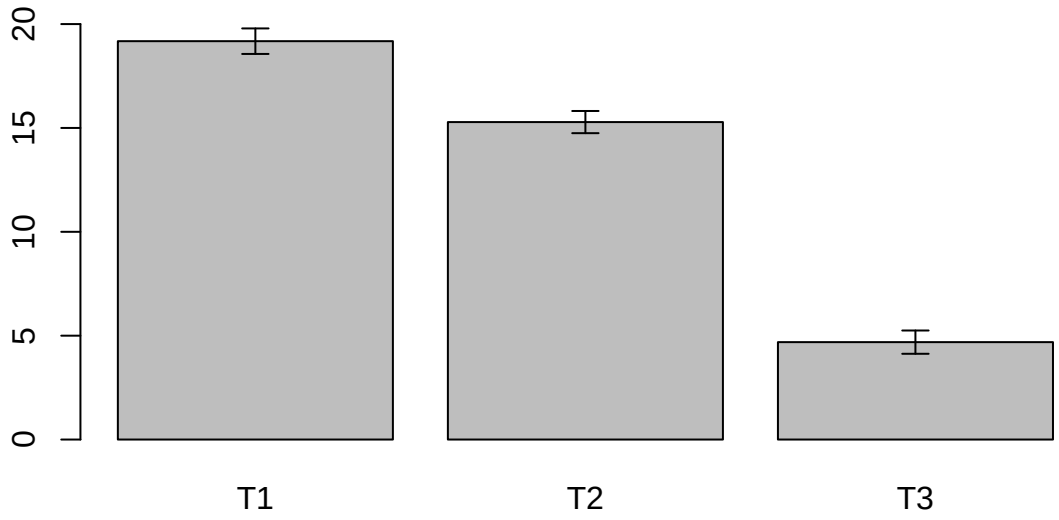
Pour les besoins de ce tuto, on créé des fausses données :

```
biomasse<-c(rnorm(35,20,5),rnorm(35,15,3),rnorm(35,5,3))
traitement<-factor(rep(c("T1","T2","T3"),each=35))
```

2.1 Un facteur et des barres d'erreur avec la fonction `barres.plot`

Le graphique de base :

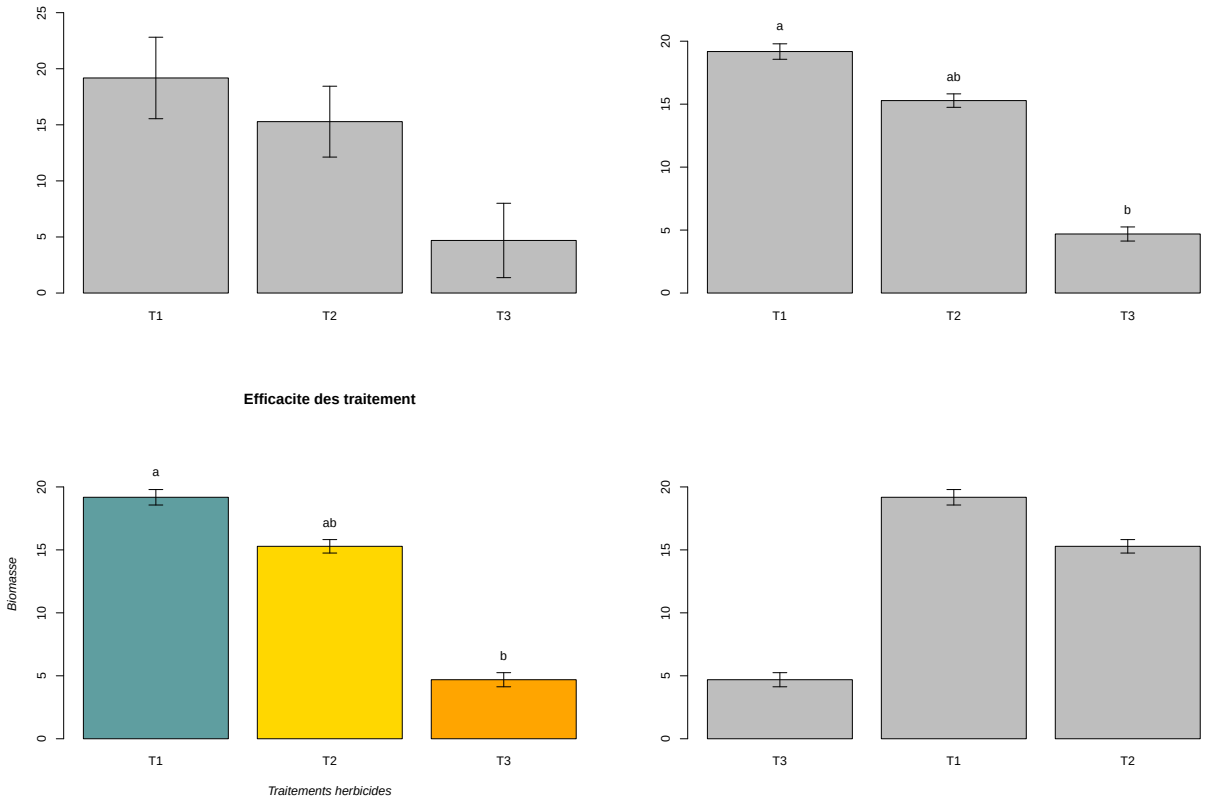
```
barres.plot(biomasse,traitement)
```



Il y a plusieurs choses que l'on peut modifier pour personaliser son graphique :

- changer le type d'erreur représentée
- ajouter des lettres d'un test post-hoc
- changer des param?tres classiques de la fonction `barplot`
- changer l'ordre des modalit?s (?a ?a n'est pas sp?cifique ? la fonction `barres.plot`)
- on peut aussi modifier l'axe des abscisses (cf les arguments `las.x`, `cex.x` et `labels.x` de la fonction `barres.plot.beside` expliquée plus tard.

```
par(mfrow=c(2,2)) #pour avoir 4 graphiques sur une m?me fen?tre
barres.plot(biomasse,traitement,ecart=sd)
#erreur standard par d?faut, ici ?cart-type
barres.plot(biomasse,traitement,lettres=c("a","ab","b"))
barres.plot(biomasse,traitement,lettres=c("a","ab","b"),
col=c("cadetblue","gold","orange"),
xlab="Traitements herbicides",ylab="Biomasse",font.lab=3,
main="Efficacite des traitement")
traitement2<-factor(traitement,levels=c("T3","T1","T2"))
barres.plot(biomasse,traitement2)
```



2.2 Pour rajouter les lettres des post-hoc avec la fonction `anovLetters`

Si vous ne voulez pas vous embêter à calculer vous même les lettres des tests post-hoc, et si et uniquement si vous ?tes dans les conditions d'utilisation d'une ANOVA ? un facteur, alors on peut faire ?a :

```
anov<-aov(biomasse~traitement)
summary(anov)
```

```
##              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## traitement    2   3935  1967.6   172.7 <2e-16 ***
## Residuals   102   1162    11.4
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

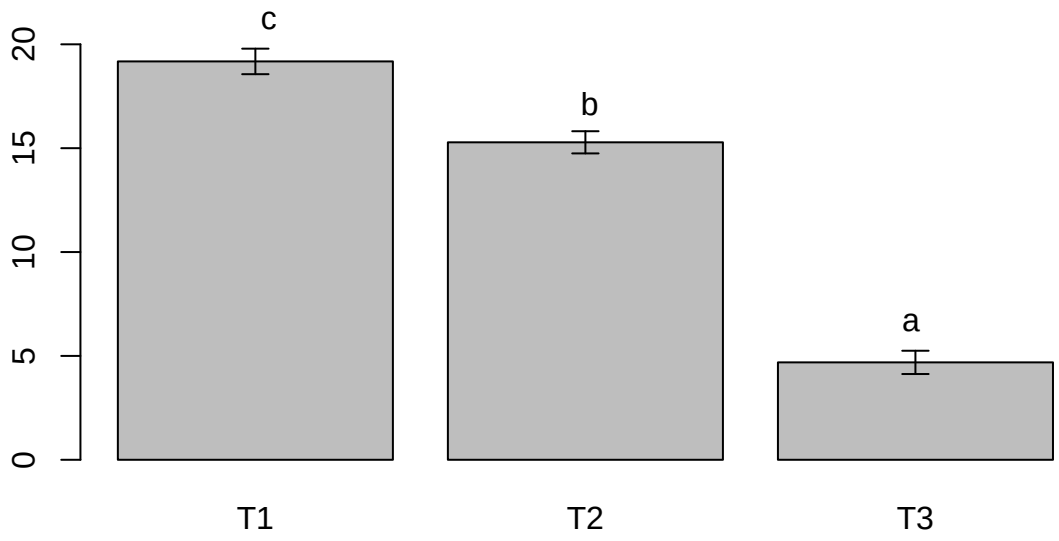
OK, il y a un effet significatif, du coup `anovLetters` renvoie la liste des lettres...

```
lettresPH<-anovLetters(VAR = biomasse,FAC = traitement)
lettresPH
```

```
## [1] "   c" "  b " " a  "
```

...que l'on peut utiliser directement sur `barres.plot` :

```
barres.plot(biomasse,traitement,lettres = lettresPH)
```



*Note : possibilité de changer le seuil alpha en utilisant l'argument `ALPHA`.

2.3 Deux facteurs et des barres d'erreur avec la fonction `barres.plot.beside`

Pour les besoins de ce tuto, on cr?? des fausses donn?es, avec 2 facteurs, l'?ge et le sexe, et une variable, la taille :

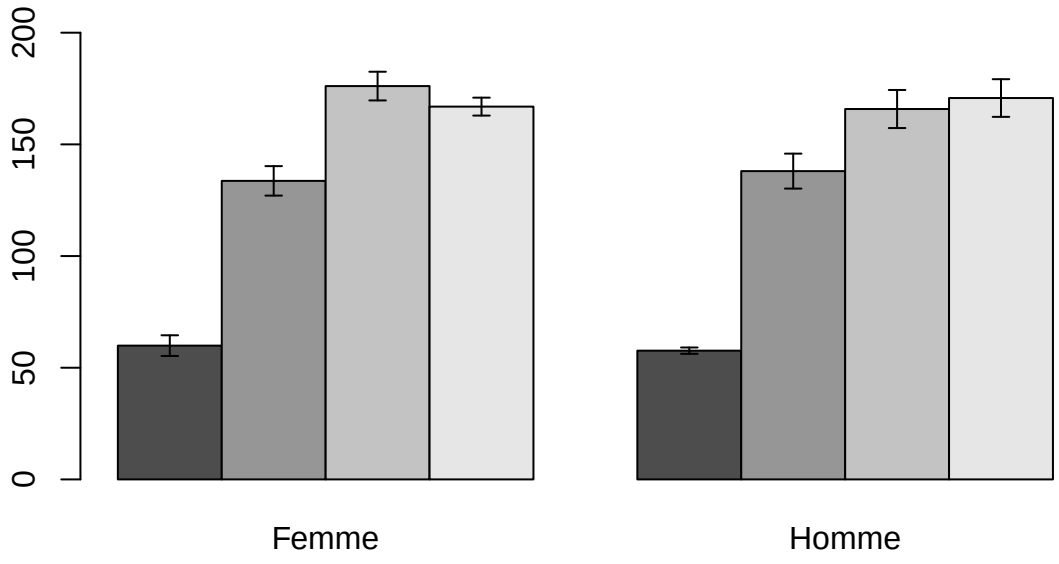
```
Age=factor(rep(c(2,10,20,30),each=10))
Sexe=factor(rep(rep(c("Homme","Femme"),5),4))
Taille=c(rnorm(5,60,7),rnorm(5,55,7),rnorm(5,145,15),rnorm(5,129,15),rnorm(5,175,15),
         rnorm(5,165,15),rnorm(5,175,15),rnorm(5,165,15))
```

En gros ?a donne ?a :

Age	Sexe	Taille
2	Homme	59.09485
2	Femme	76.60134
2	Homme	54.38537
2	Femme	63.00005
2	Homme	59.32175
2	Femme	51.10606

Le graphique de base :

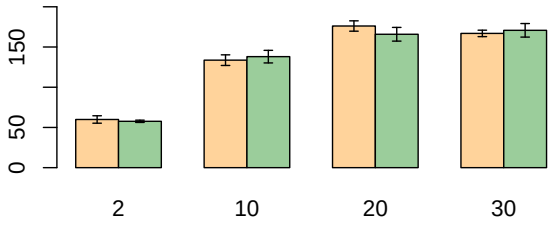
```
barres.plot.beside(Taille,Sexe,Age)
```



On peut aussi modifier quelques petits trucs :

- si on inverse les facteurs, avec des couleurs

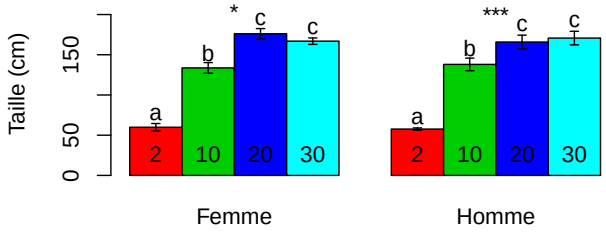
```
barres.plot.beside(Taille,Age,Sexe,col=c("burlywood1","darkseagreen3"))
```



- avec les annotations qui vont bien

Attention, les lettres et ?toiles sont ? d?finir soit m?me, c-?-d apr?s tests statistiques, ici pour l'exemple, c'est de l'al?atoire...), et avec des couleurs simples (mais moches...)

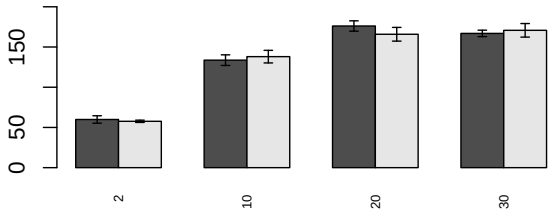
```
barres.plot.beside(Taille,Sexe,Age,POSI="bottom",
lettres=c("a","b","c","c","a","b","c","c"),
                  etoiles=c("*","***"),ylab="Taille (cm)",col=2:5)
```



On peut aussi modifier l'axe des abscisses :

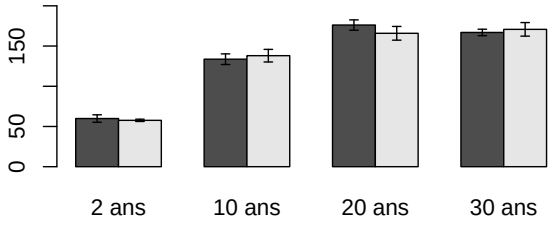
- l'orientation avec `las.x` et la taille avec `cex.x` :

```
barres.plot.beside(Taille,Age,Sexe,las.x = 2, cex.x = 0.6)
```



- les étiquettes avec `labels.x` :

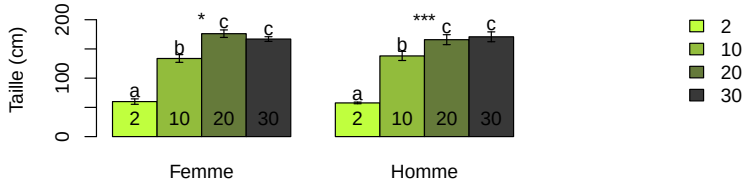
```
barres.plot.beside(Taille,Age,Sexe,labels.x = c("2 ans","10 ans","20 ans","30 ans"))
```



Attention, changer les noms ne veut pas dire qu'on change l'ordre des facteurs.. ne pas écrire n'importe quoi..

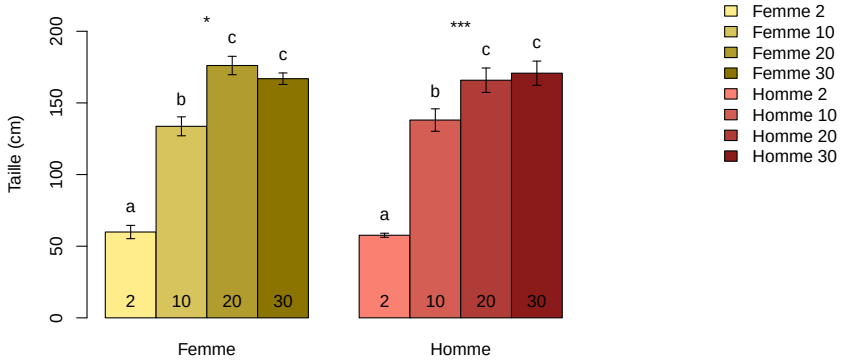
- avec des couleurs choisies avec la fonction `colorRampPalette` et une l?gende

```
par(mfrow=c(1,2))
coul<-c(colorRampPalette(colors=c("olivedrab1", "grey22"))(4))
barres.plot.beside(Taille,Sexe,Age,POSI="bottom",
                   lettres=c("a","b","c","c","a","b","c","c"),
                   etoiles=c("*","***"),col=coul,ylab="Taille (cm)")
plot(1,type="n",axes = F,ann = F)
legend("topleft",levels(Age),fill=coul,bty="n")
```



- avec des couleurs pour chaque combinaison de modalit?s

```
par(mfrow=c(1,2))
coul2<-c(colorRampPalette(colors=c("lightgoldenrod1", "gold4"))(4),
         colorRampPalette(colors=c("salmon", "firebrick4"))(4))
barres.plot.beside(Taille,Sexe,Age,POSI="bottom",
                   lettres=c("a","b","c","c","a","b","c","c"),
                   etoiles=c("*","***"),col=coul2,ylab="Taille (cm)")
plot(1,type="n",axes = F,ann = F)
legend("topleft",paste(rep(levels(Sexe),each=length(levels(Age))),
                       rep(levels(Age),2),sep=" "),fill=coul2,bty="n")
```



2.4 Faire un tableau r?capitulatif avec `Tableau_recap`

Cette fonction n'est pas graphique, elle donne les informations de `barres.plot` sous forme d'un tableau. Elle a peu d'utilit? en dehors d'un document Rmarkdown.

```
Tableau_recap(VAR = biomasse,FAC = traitement,ROUND = 2)
```

```
##    Modalites Nombre Moyennes Erreur
## T1        T1     35    19.18   0.61
## T2        T2     35    15.28   0.53
## T3        T3     35     4.69   0.56
```

Pour que ce soit plus joli, il est cosneill? d'utiliser la fonction `kable`du package `knitr` (pour l'installer : `install.packages("knitr")`).

```
kable(Tableau_recap(VAR = biomasse,FAC = traitement,ROUND = 2))
```

	Modalites	Nombre	Moyennes	Erreur
T1	T1	35	19.18	0.61
T2	T2	35	15.28	0.53
T3	T3	35	4.69	0.56

Si on fait un test posthoc, on peut rajouter les lettres dans le tableau :

```
anov<-aov(biomasse~traitement)
summary(anov)
```

```
##              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## traitement    2   3935  1967.6   172.7 <2e-16 ***
## Residuals   102   1162    11.4
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
TukeyHSD(anov)
```

```
##   Tukey multiple comparisons of means
##     95% family-wise confidence level
##
## Fit: aov(formula = biomasse ~ traitement)
##
## $traitement
##             diff        lwr        upr    p adj
## T2-T1  -3.894353  -5.813399  -1.975307 1.45e-05
## T3-T1 -14.488084 -16.407130 -12.569037 0.00e+00
## T3-T2 -10.593730 -12.512776  -8.674684 0.00e+00
```

```
#les lettres sont donc a, b et c :
kable(Tableau_recap(VAR = biomasse,FAC = traitement,ROUND = 2,
              LETTRES = c("a","b","c")))
```

	Modalites	Nombre	Moyennes	Erreur	Lettres
T1	T1	35	19.18	0.61	a
T2	T2	35	15.28	0.53	b
T3	T3	35	4.69	0.56	c

2.5 Des s?ries temporelles avec `Time.factor.plot`

Pour les besoins de ce tuto, on cr?? des fausses donn?es :

```
tim<-rep(c(1:4),each=6)
fac<-factor(rep(rep(c("A","B"),each=3),4))
vari<-c(rnorm(3,5,2),rnorm(3,3,2),rnorm(3,3,2),rnorm(3,8,2),
        rnorm(3,8,2),rnorm(3,10,2),rnorm(3,16,2),rnorm(3,12,2))
```

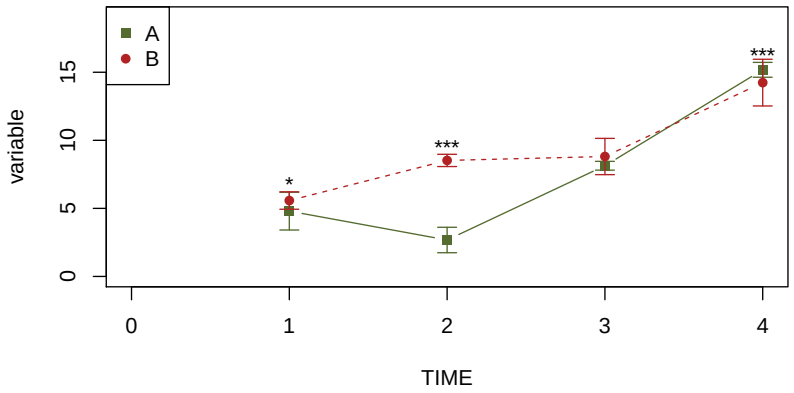
En gros ?a donne ?a :

tim	fac	vari
1	A	7.409124
1	A	2.677715
1	A	4.308788
1	B	5.085282
1	B	4.796939
1	B	6.844522

Utilisation de la fonction : *Pourquoi ce message d'erreur? Bonne question.. ? r?soudre..*

```
Time.factor.plot(tim,fac,vari,etoiles=c("*","***","","***"),
                 pch = c(15,16),couleur = c("darkolivegreen","firebrick"),
                 lty = c(1,2))
```

```
## Warning in if (couleur == c(0)) rep(1, length(levels(factor(FACTOR)))) else
## couleur: la condition a une longueur > 1 et seul le premier élément est utilisé

## Warning in if (pch == c(0)) rep(1, length(levels(factor(FACTOR)))) else pch: la
## condition a une longueur > 1 et seul le premier élément est utilisé

## Warning in if (lty == c(0)) rep(1, length(levels(factor(FACTOR)))) else lty: la
## condition a une longueur > 1 et seul le premier élément est utilisé
```



2.6 Des jolies couleurs avec les fonctions `Couleur_continue` et `modif_coul`

`Couleur_continue` permet de transformer une variable en palette de couleur, utile pour ajouter une 'dimension' ? un plot en 2D

Par exemple, si on a des donn?es (fausses ici..) avec la couverture v?g?tale en fonction de l'altitude, et une information sur la taille des plantes :

taille	recouvrement	altitude
89.2	99	467
18.0	98	1257
40.1	99	1955
90.6	96	2287
86.0	96	1920
83.9	96	1397

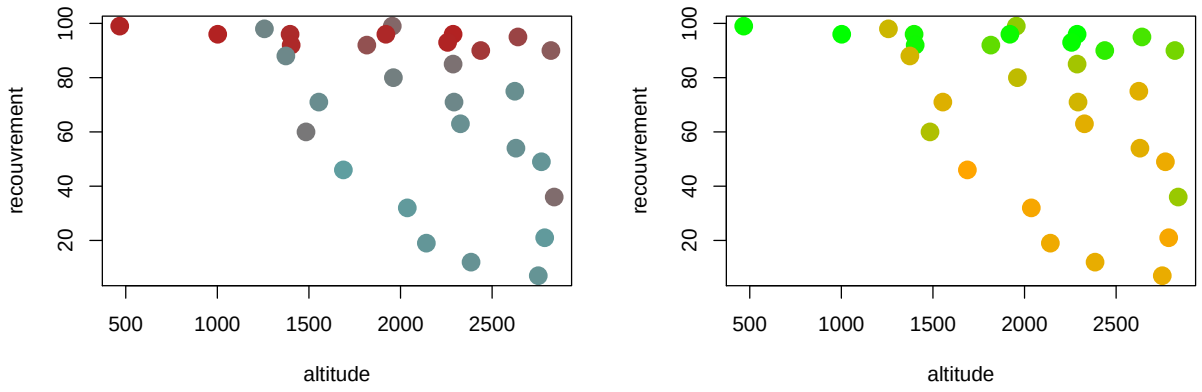
On peut cr?er une couleur pour chaque valeur de taille (ici avec des couleurs plus froides pour les tailles les plus petites) :

```
coul_taille<-Couleur_continue(VAR = taille,COLORS = c("cadetblue","firebrick"))
coul_taille
```

```
##  [1] "#B02424" "#6F8586" "#836768" "#B22222" "#AD2828" "#AC2A2A" "#B22222"
##  [8] "#AD2929" "#925151" "#B02424" "#A33838" "#9A4445" "#8B5B5B" "#7C7172"
## [15] "#737F80" "#6D8789" "#688F90" "#689092" "#689092" "#649597" "#806C6D"
## [22] "#619A9C" "#659495" "#669294" "#639698" "#619A9C" "#5F9EA0" "#787778"
## [29] "#698D8F" "#6D888A"
```

Ces couleurs (en code h?xad?cimal) peuvent ?tre utilis?es dans un graphique, avec la possibilit? de changer les couleurs comme on veut :

```
par(mfrow=c(1,2))
plot(x = altitude, y = recouvrement, pch=16, cex=2, col=coul_taille)
plot(x = altitude, y = recouvrement, pch=16, cex=2,
     col=Couleur_continue(taille,COLORS=c("Orange","Green")))
```

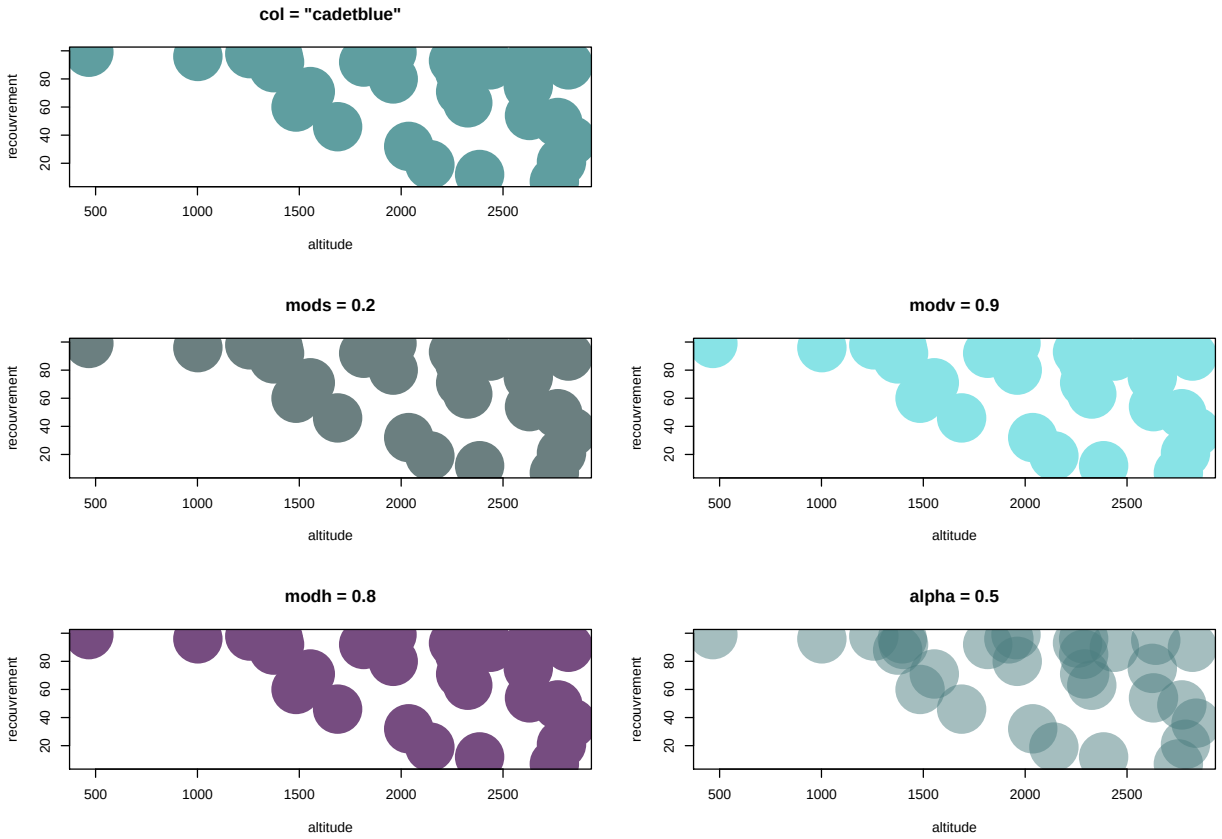


La fonction `modif_coul` permet de modifier une couleur existante :

Par exemple, en partant de la couleur `cadetblue` (qui est un bleu pastel), on peut :

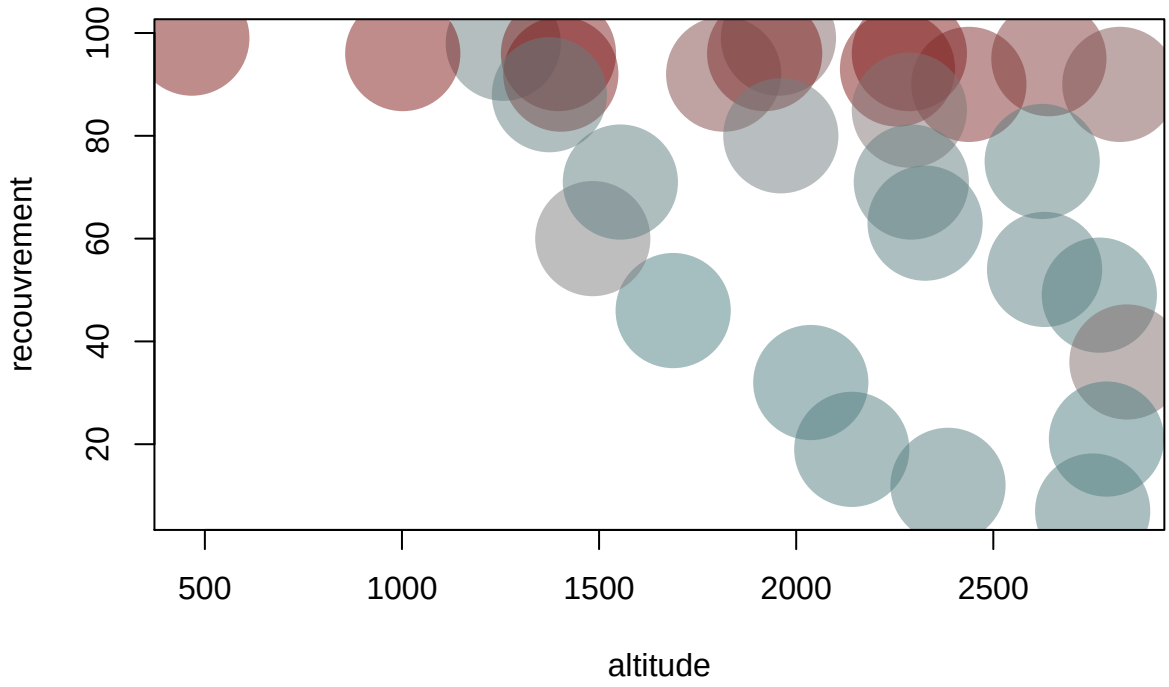
- modifier la saturation, sous 0.5 ?a d?sature, au dessus, ?a sature
- modifier la brillance, sous 0.5 ?a fonce, au dessus, ?a ?claircit
- modifier la teinte, ?a tourne en rond..
- modifier la transparence sous 1, ?a devient transparent

```
par(mfrow=c(3,2))
plot(x = altitude, y = recouvrement, pch = 16, cex = 8, col = "cadetblue",
     main = 'col = "cadetblue"')
plot(1,type="n",axes = F,ann = F) #juste pour un graphique vide..
plot(x = altitude, y = recouvrement, pch = 16, cex = 8,
     col = modif_coul(COULEUR = "cadetblue",mods = 0.2), main = "mods = 0.2")
plot(x = altitude, y = recouvrement, pch = 16, cex = 8,
     col = modif_coul(COULEUR = "cadetblue",modv = 0.9), main = "modv = 0.9")
plot(x = altitude, y = recouvrement, pch = 16, cex = 8,
     col = modif_coul(COULEUR = "cadetblue",modh = 0.8), main = "modh = 0.8")
plot(x = altitude, y = recouvrement, pch = 16, cex = 8,
     col = modif_coul(COULEUR = "cadetblue",alpha = 0.5), main = "alpha = 0.5")
```



On peut aussi combiner les deux fonctions :

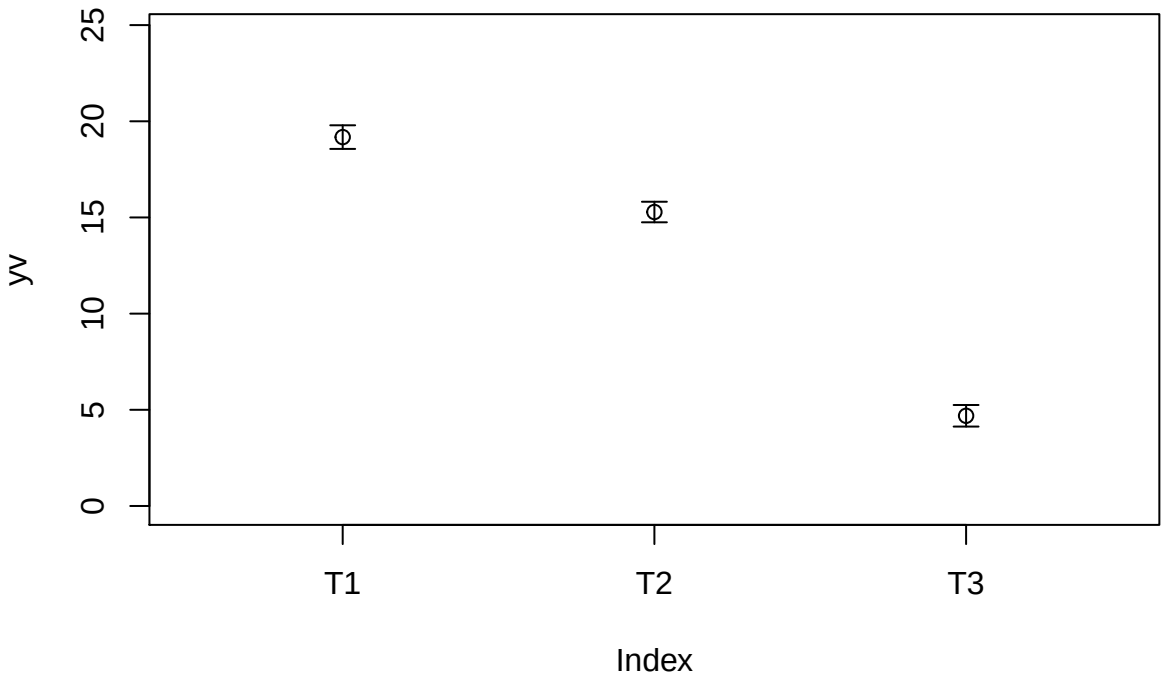
```
coul_taille_transp <- sapply(coul_taille, function(x) modif_coul(x, alpha = 0.5))
plot(x = altitude, y = recouvrement, pch=16, cex=8, col=coul_taille_transp)
```



2.7 Des diagrammes en barres mais avec des points avec `point.plot`

Quasi identique ? l'utilisation de `barres.plot`.. Le graphique de base :

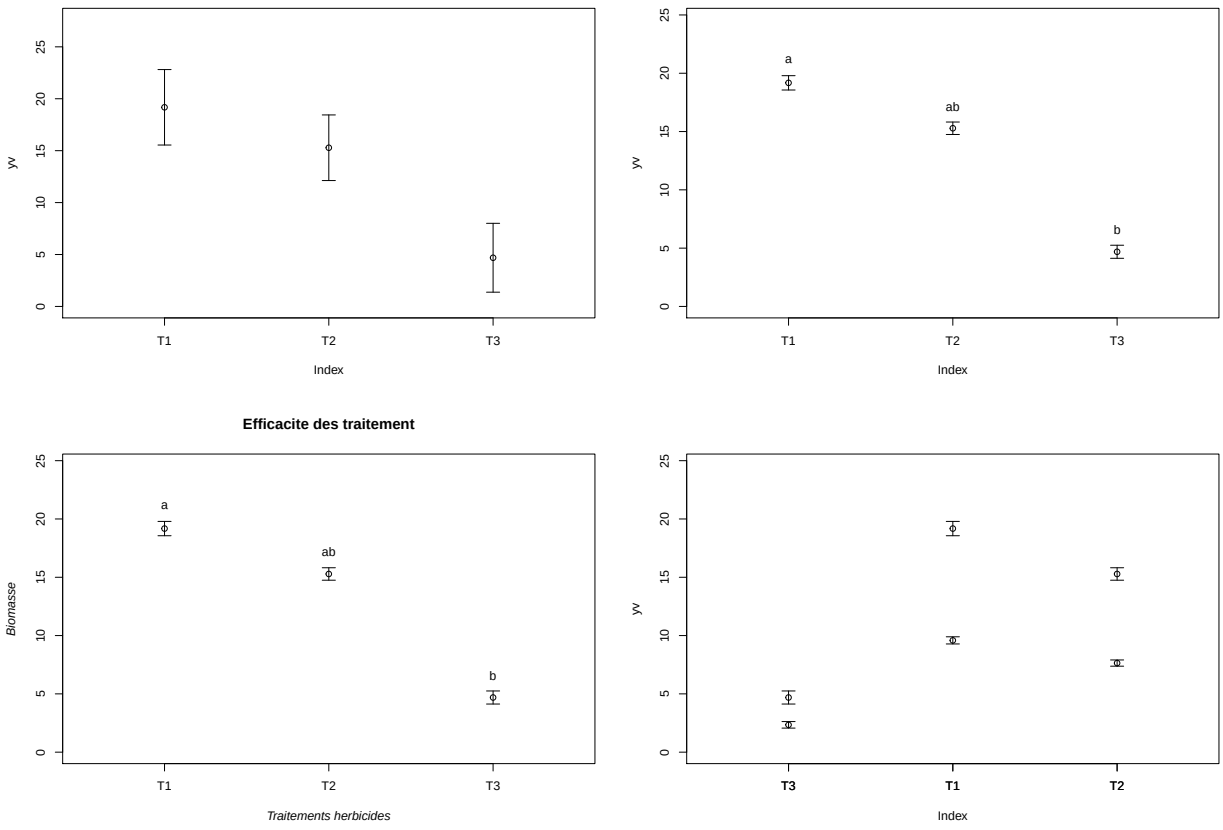
```
point.plot(biomasse,traitement)
```



Il y a plusieurs choses que l'on peut modifier pour personaliser son graphique :

- changer le type d'erreur repr?sent?e
- ajouter des lettres d'un test post-hoc
- changer des param?tres classiques de la fonction `barplot`
- changer l'ordre des modalit?s (?a ?a n'est pas sp?cifique ? la fonction `point.plot`) et surajouter sur un graphique

```
par(mfrow=c(2,2)) #pour avoir 4 graphiques sur une m?me fen?tre
point.plot(biomasse,traitement,ecart=sd)
#erreur standard par d?faut, ici ?cart-type
point.plot(biomasse,traitement,lettres=c("a","ab","b"))
point.plot(biomasse,traitement,lettres=c("a","ab","b"),
xlab="Traitements herbicides",ylab="Biomasse",font.lab=3,
main="Efficacite des traitement")
traitement2<-factor(traitement,levels=c("T3","T1","T2"))
point.plot(biomasse,traitement2)
point.plot(biomasse/2,traitement2, add = TRUE)
```



3 Fonctions graphiques pour les analyses multivar?es

3.1 La fonction `multivar.polyg`

La fonction `multivar.polyg` permet de regrouper des points dans une analyse en faisant un polygone autour. On prends

Il faut :

- `ANAcoo` coordonnées des points d'une analyse multivariées (`__$points` pour une NMDS, `__$li` pour une AFC, etc.)
- `FAC` facteur qui permettra de séparer les polygones

```
library(vegan)
```

```
## Loading required package: permute
```

```
## Loading required package: lattice
```

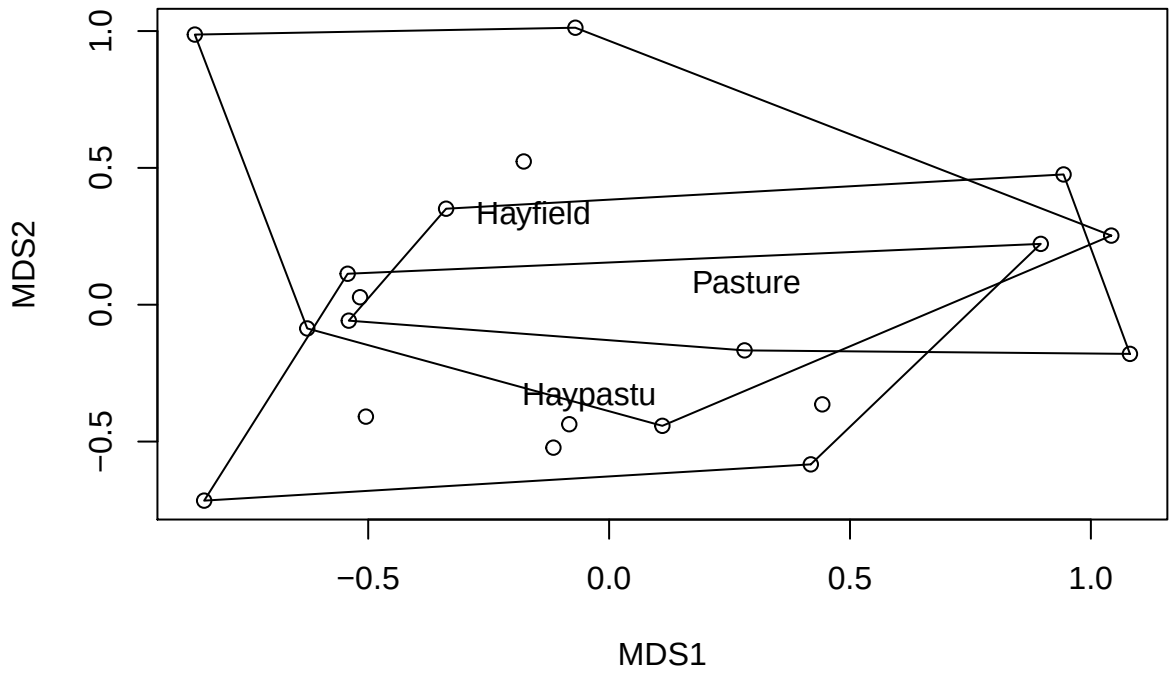
```
## This is vegan 2.5-6
```

```
data("dune")
data("dune.env")
NMDS <- metaMDS(dune)
```

```
## Run 0 stress 0.1192678
## Run 1 stress 0.1889641
## Run 2 stress 0.1192682
## ... Procrustes: rmse 0.0003559056  max resid 0.001093924
## ... Similar to previous best
## Run 3 stress 0.1192679
## ... Procrustes: rmse 0.00011242  max resid 0.0003452737
## ... Similar to previous best
## Run 4 stress 0.1886532
## Run 5 stress 0.1809584
## Run 6 stress 0.1183186
## ... New best solution
## ... Procrustes: rmse 0.02027065  max resid 0.0649574
## Run 7 stress 0.1183186
## ... Procrustes: rmse 3.845789e-06  max resid 1.003066e-05
## ... Similar to previous best
## Run 8 stress 0.1192678
## Run 9 stress 0.1183186
## ... Procrustes: rmse 2.031291e-05  max resid 6.430092e-05
## ... Similar to previous best
## Run 10 stress 0.1192678
## Run 11 stress 0.1812933
## Run 12 stress 0.1192687
## Run 13 stress 0.1192679
## Run 14 stress 0.119268
## Run 15 stress 0.1183186
## ... New best solution
```

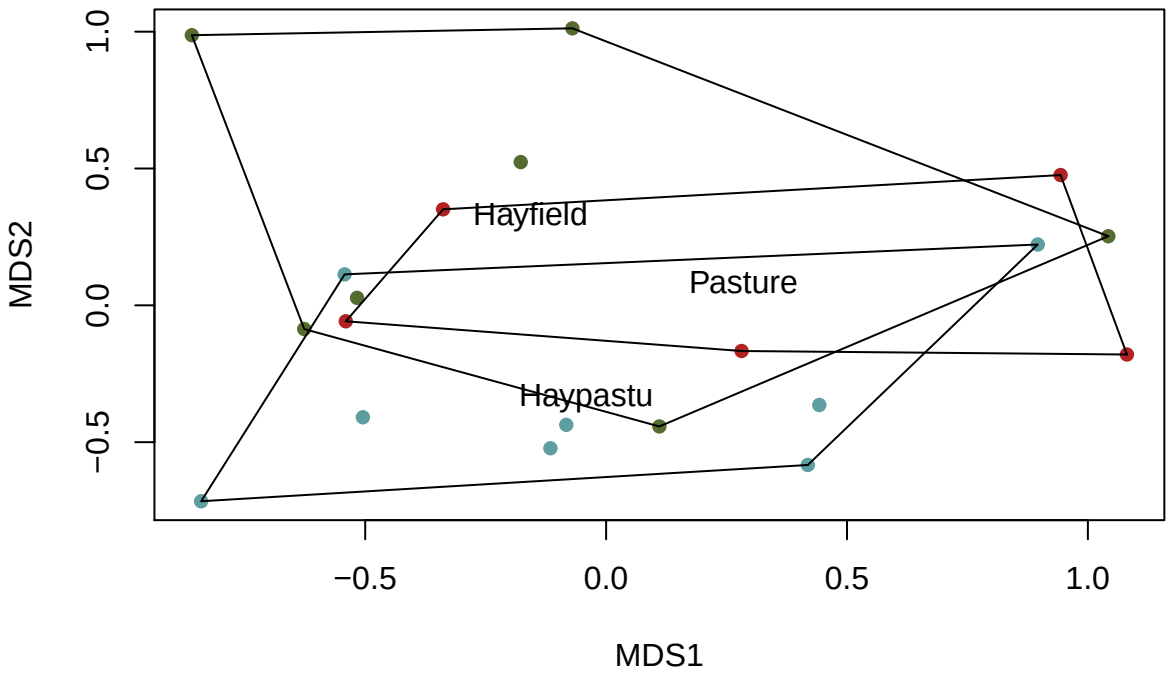
```
## ... Procrustes: rmse 3.103057e-06  max resid 6.619459e-06
## ... Similar to previous best
## Run 16 stress 0.1192687
## Run 17 stress 0.1809579
## Run 18 stress 0.1192679
## Run 19 stress 0.1808913
## Run 20 stress 0.1192681
## *** Solution reached
```

```r
multivar.polyg(ANAcoo = NMDS$points, FAC = dune.env$Use)
```

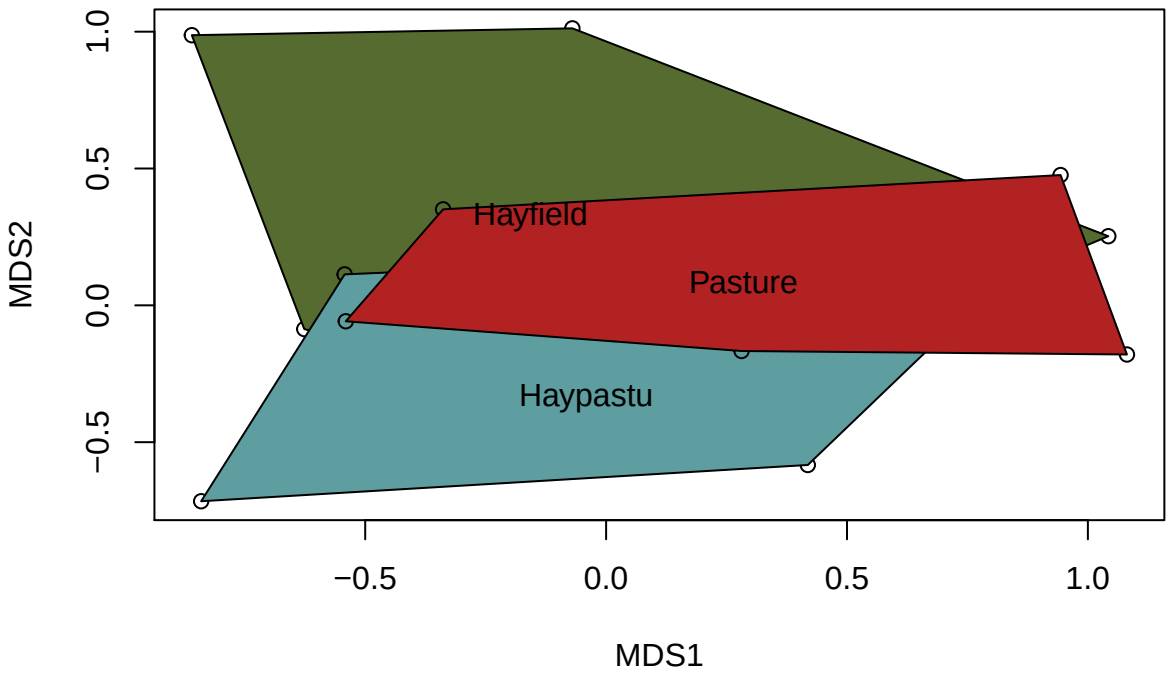


Avec d'autres arguments si besoin :

```r
multivar.polyg(ANAcoo = NMDS$points, FAC = dune.env$Use,
               pch = 16, # forme des points des sites
               col_dot = c("darkolivegreen","cadetblue","firebrick")
               #couleur des points des sites
               )
```

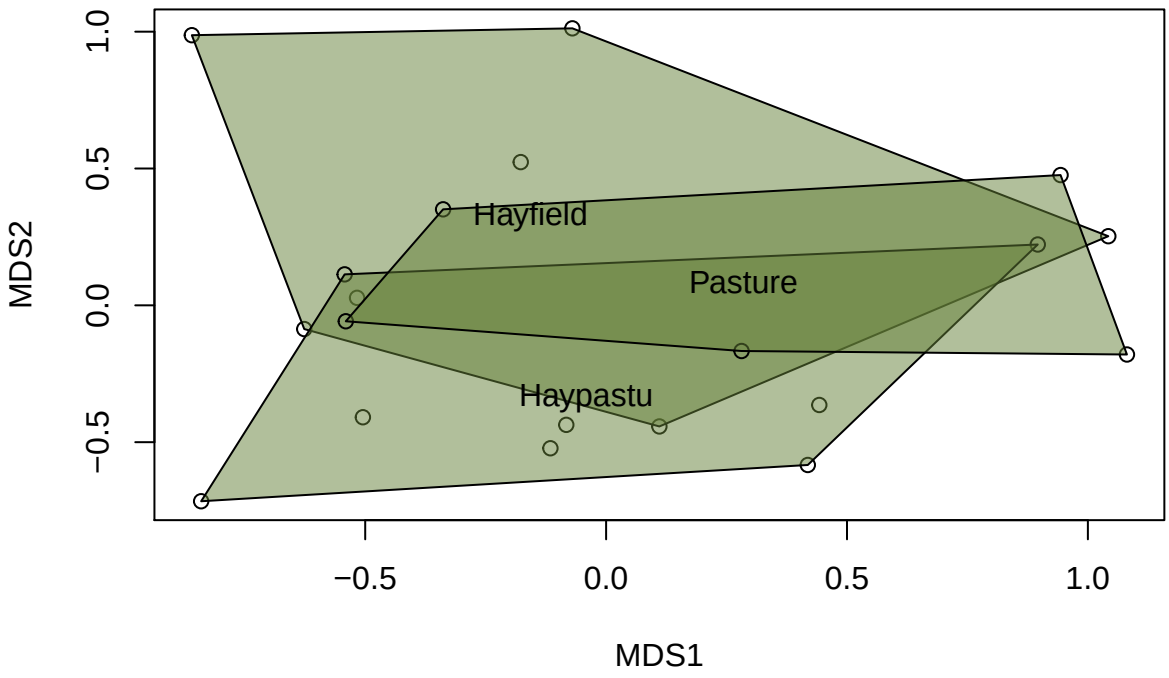



```
multivar.polyg(ANAcoo = NMDS$points, FAC = dune.env$Use,
               col_fill = c("darkolivegreen","cadetblue","firebrick")
               #couleur des polygones
               )
```



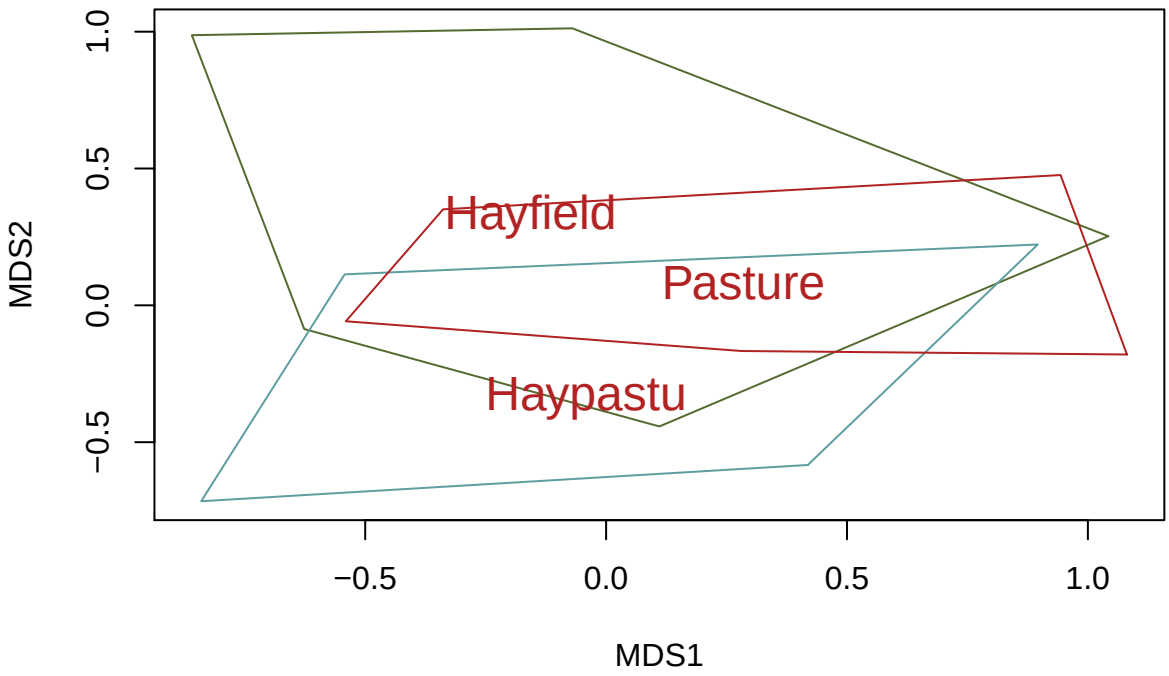
Mieux vaux utiliser la fonction `modif_coul` pour ajouter de la transparence :

```
multivar.polyg(ANAcoo = NMDS$points, FAC = dune.env$Use,
               col_fill = modif_coul(c("darkolivegreen","cadetblue","firebrick"),alpha = 0.5))
```



Et encore :

```
multivar.polyg(ANAcoo = NMDS$points, FAC = dune.env$Use,
               col_bord =  c("darkolivegreen","cadetblue","firebrick"),
               #couleur des bordures des polygones
               col_text = c("darkolivegreen","cadetblue","firebrick"),
               #couleur du texte
               cex_lab = 1.5, # taille des étiquettes
               dot = "no" # présence ou non des points des sites
               )
```



Possibilité aussi avec les arguments `lab` de ne pas afficher les étiquettes des modalités, `new` de ne pas faire ça sur un nouveau graphe mais sur un graphe existant, et `sep` de faire une nouvelle fenêtre pour chaque modalité du facteur.

3.2 La fonction `MultiDyn`

3.3 La fonction `better_arrows`

3.4 La fonction `label.corV2`

La fonction `label.corV2` permet de calculer les corrélations des espèces avec les axes et d'afficher seulement les plus corrélées.

Il y a plusieurs arguments obligatoires :

- `COO_ESP` Coordonnées des espèces suites à une ordination, pour les deux premiers axes, après `dudi.pca` et `dudi.coa` c'est `ANALYSE$co[,1:2]`, après `decorana` c'est `ANALYSE$cproj[,1:2]`, après `metaMDS` c'est `ANALYSE$species[,1:2]`, etc.
- `COO_REL` Coordonnées des relevés suites à une ordination, pour les deux premiers axes, après `dudi.pca` et `dudi.coa` c'est `ANALYSE$li[,1:2]`, après `decorana` c'est `ANALYSE$rproj[,1:2]`, après `metaMDS` c'est `ANALYSE$points[,1:2]`, etc.
- `RELEVES` les relevés ayant servi à faire l'analyse multivariée
- `METHOD` Méthode de choix des espèces à afficher, soit `"P"` (défaut) - les espèces dont le p du test de spearman sont inférieures à la valeur de P sur au moins un axe sont affichées, soit `"RHO"` - les espèces dont le Rho du test de spearman sont supérieur à RHO sur au moins un axe sont affichées, soit `"N_base_P"` - les N espèces dont le P sont les plus faibles sont affichées, soit `"N_base_RHO"` - les N espèces dont les RHO sont les plus fort sont affichées.

Selon la méthode choisie, vous devrez aussi renseigner :

- `P` la p value maximum pour être affichée
- `RHO` le Rho minimum pour être affichée
- `N` le nombre d'espèces à afficher, attention, si des ex-aequo, pour ne pas surcharger, il y a moins d'espèces affichées que le N choisi

Et éventuellement :

- `COEF` un coef multiplicateur (pour exploser ou non la dispersion dans le plan)
- `ADD` par defaut, créer un graphe seul, si add=T, les noms d'especes sont ajouté au graphe déjà existant
- `...` d'autres arguments de la fonction `text`

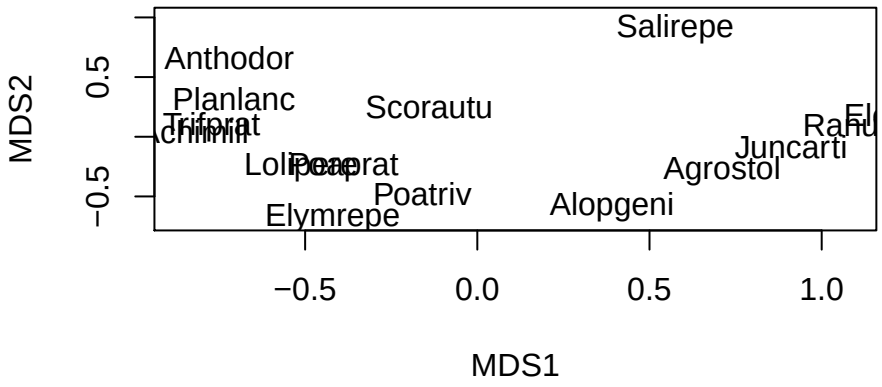
Pour l'exemple, on récupère les données `dune` du package `vegan` et on fait une NMDS :

```
library(vegan)
data("dune")
NMDS <- metaMDS(dune)
```

Usage de la fonction :

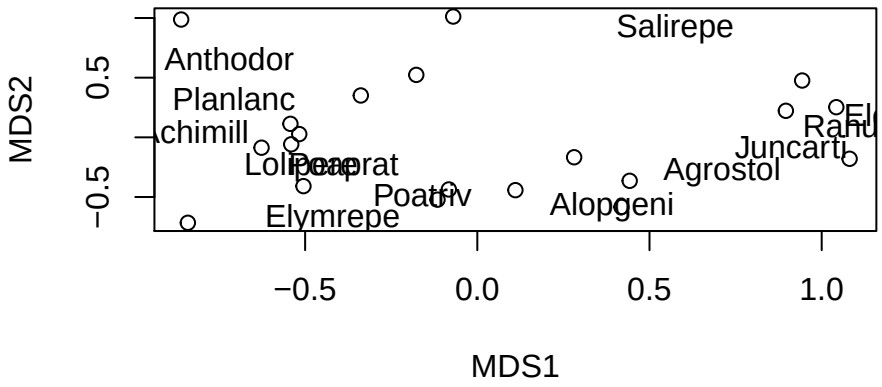
- En fonction du p, et sans graphe existant :

```
label.corV2(COO_ESP = NMDS$species[,1:2], COO_REL = NMDS$points[,1:2],
            RELEVES = dune, METHOD = "P", P = 0.05)
```



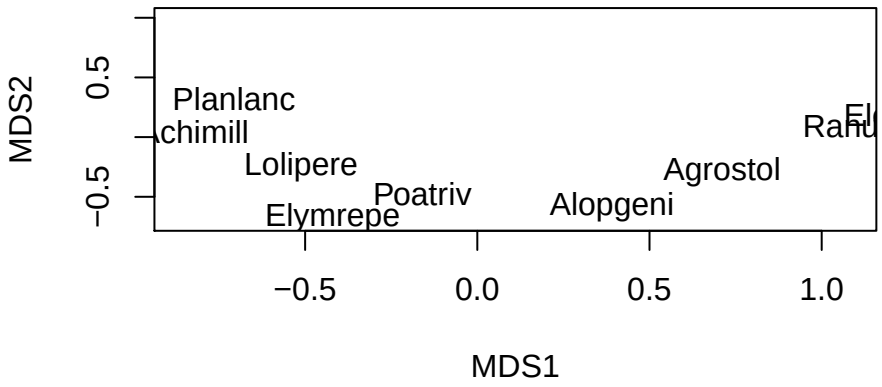
- En fonction du rho et avec graphe existant :

```
plot(NMDS$points[,1:2])
label.corV2(COO_ESP = NMDS$species[,1:2], COO_REL = NMDS$points[,1:2],
            RELEVES = dune, METHOD = "RHO", RHO = 0.5, ADD = T)
```



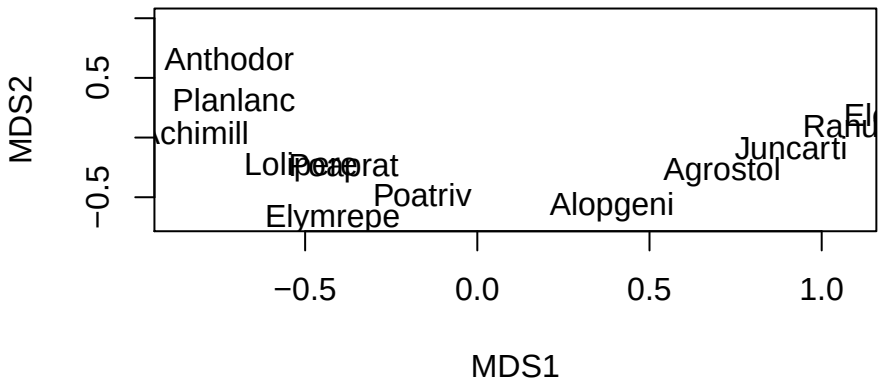
- Sans graphe précédent, par un nombre d'espèces en fonction du p :

```
label.corV2(COO_ESP = NMDS$species[,1:2], COO_REL = NMDS$points[,1:2],
            RELEVES = dune, METHOD = "N_base_P", N = 10)
```



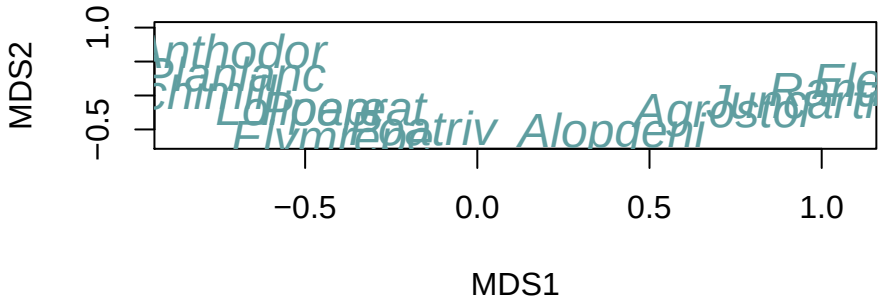
- Sans graphe précédent, par un nombre d'espèces en fonction du rho :

```
label.corV2(COO_ESP = NMDS$species[,1:2], COO_REL = NMDS$points[,1:2],
            RELEVES = dune, METHOD = "N_base_RHO", N = 15)
```



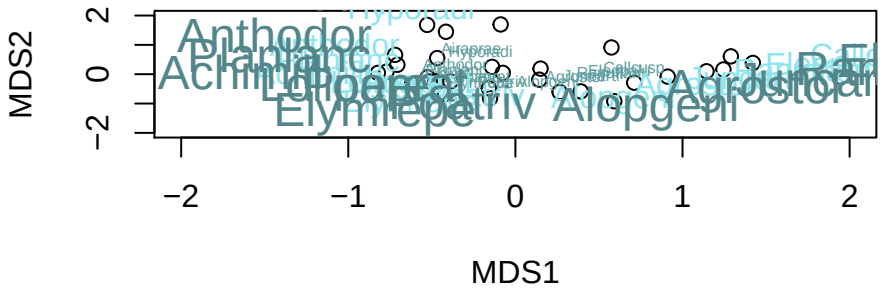
- Sans graphe précédent, par un nombre d'espèces en fonction du rho et en utilisant tout un tas d'autres arguments de la fonction `text`:

```
label.corV2(COO_ESP = NMDS$species[,1:2], COO_REL = NMDS$points[,1:2],
            RELEVES = dune, METHOD = "N_base_RHO", N = 15,
            col="cadetblue", cex=1.5, font = 3)
```



- Et pour voir les effets de l'argument `COEF` :

```
plot(NMDS$species, ylim = c(-2, 2), xlim = c(-2,2))
label.corV2(COO_ESP = NMDS$species[,1:2], COO_REL = NMDS$points[,1:2],
            RELEVES = dune, METHOD = "N_base_RHO", N = 15,
            col="cadetblue", cex=0.5, COEF = 0.5, ADD = T)
label.corV2(COO_ESP = NMDS$species[,1:2], COO_REL = NMDS$points[,1:2],
            RELEVES = dune, METHOD = "N_base_RHO", N = 15,
            col="cadetblue2", cex=1, COEF = 1.5, ADD = T)
label.corV2(COO_ESP = NMDS$species[,1:2], COO_REL = NMDS$points[,1:2],
            RELEVES = dune, METHOD = "N_base_RHO", N = 15,
            col="cadetblue4", cex=1.5, COEF = 2, ADD = T)
```



3.5 La fonction `label.corDCA`

3.6 La fonction `label.corNMDS`

4 Pour de la manipulation de donn?es

4.1 La fonction `BBtransf`

4.2 La fonction `Classes_def`

4.3 La fonction `combin.tab`

4.4 La fonction `combin.tabV0`

5 Pour des t?ches tr?s sp?cifiques :

5.1 Autour de l'indice de l'integrit? de la structure des communaut?s

5.2 La fonction `ComStructIndices`

5.3 La fonction `structure.plot`

5.4 La fonction `structure.plotV2`

5.5 La fonction “

“

“

“

“

“