DeCovarT, a generative model for the deconvolution of heterogeneous transcriptomic samples

17/06/2023

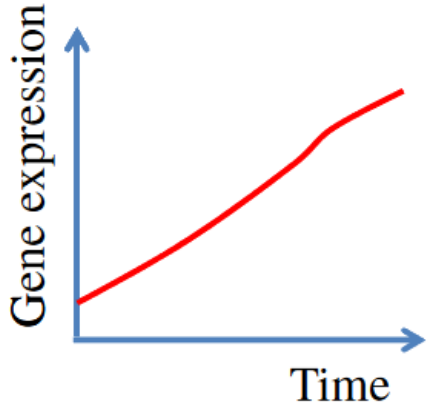
Bastien CHASSAGNOL
Gregory NUEL, Etienne BECHT, Yufei LUO

SERVIER
moved by you

Confusing biological noise

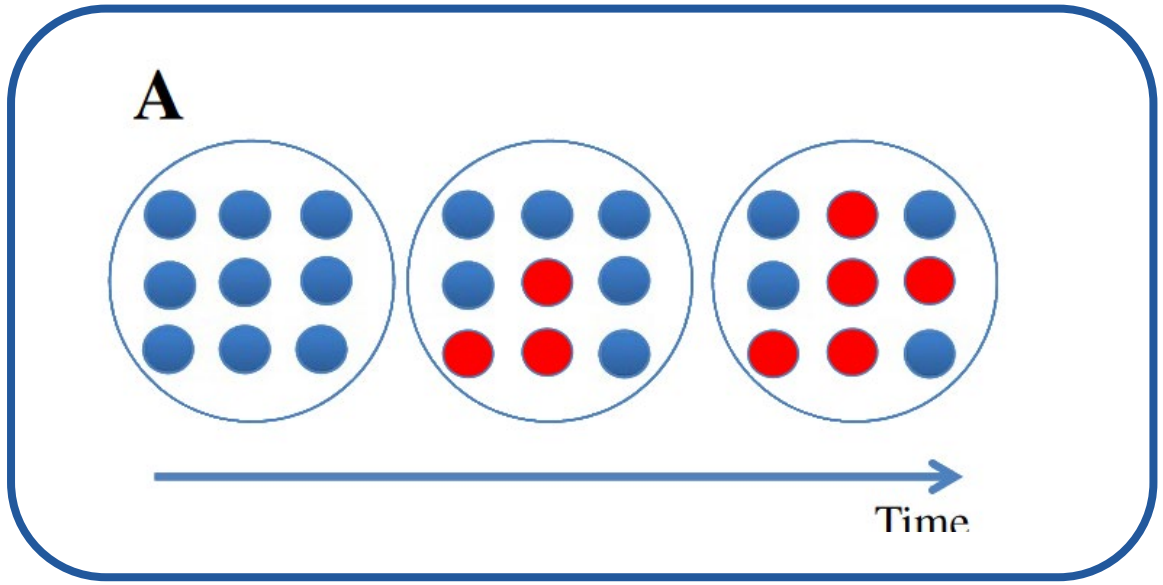
resting cell population 1

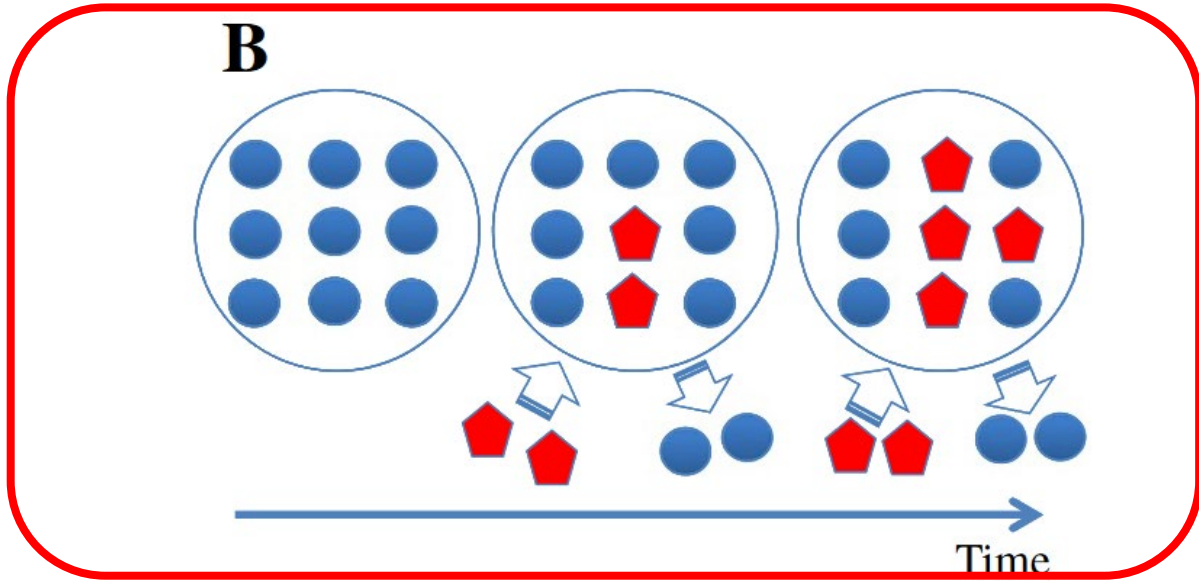
activated cell population 1



Shoemaker et al. 2012c

activated cell population 2

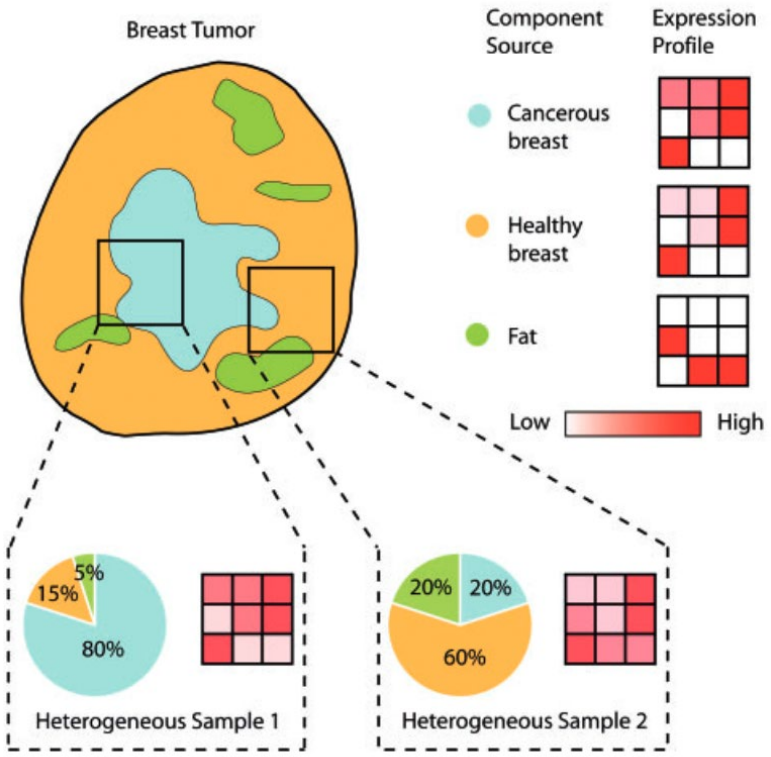




Scenario A: increase of the gene expression is generated by an **activation** of cell population 1

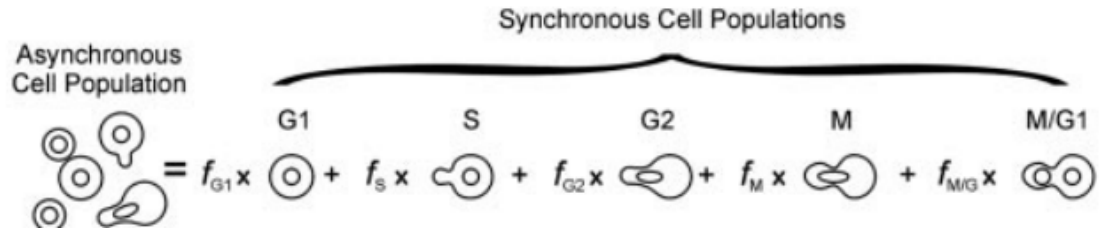
Scenario B: the gene expression increases due to the **arrival** of a **new** cell population 2

Heterogenity of tissues



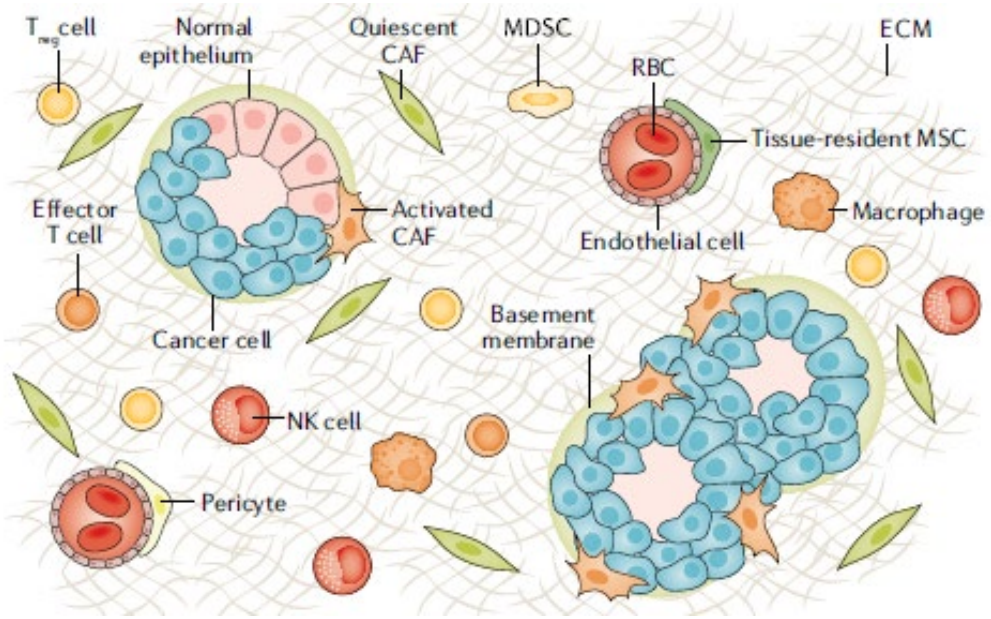
Mixture of tissues

Quon and Morris, 2009



Mixture of cell phases

Lu et al, 2003



Mixture of cell populations

Finotello and Trajanoski 2018

Deconvolution inputs

$$\begin{pmatrix} x_{1,1} & \cdots & x_{1,J} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{G,1} & \cdots & x_{G,J} \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} p_{1,1} & \cdots & p_{1,N} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ p_{J,1} & \cdots & p_{J,N} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} y_{1,1} & \cdots & y_{1,N} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ y_{G,1} & \cdots & y_{G,N} \end{pmatrix}$$

X stores purified cellular expression profiles

p is the individual vector of cell ratios

Y stores the resulting bulk expression values

$$\begin{pmatrix} x_{G_1,1} & \cdots & 0 \\ 0 & x_{G_2,2} & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & x_{G_k,k} \end{pmatrix}$$

Marker-based

Linear box constraints

$$\boldsymbol{X} p_i = \boldsymbol{y}_i$$

$$\begin{cases} \sum_{j=1}^{J} p_{ji} = 1 \\ \forall j \in \{1, \ldots, J\}, \quad p_{ji} \geq 0 \end{cases}$$

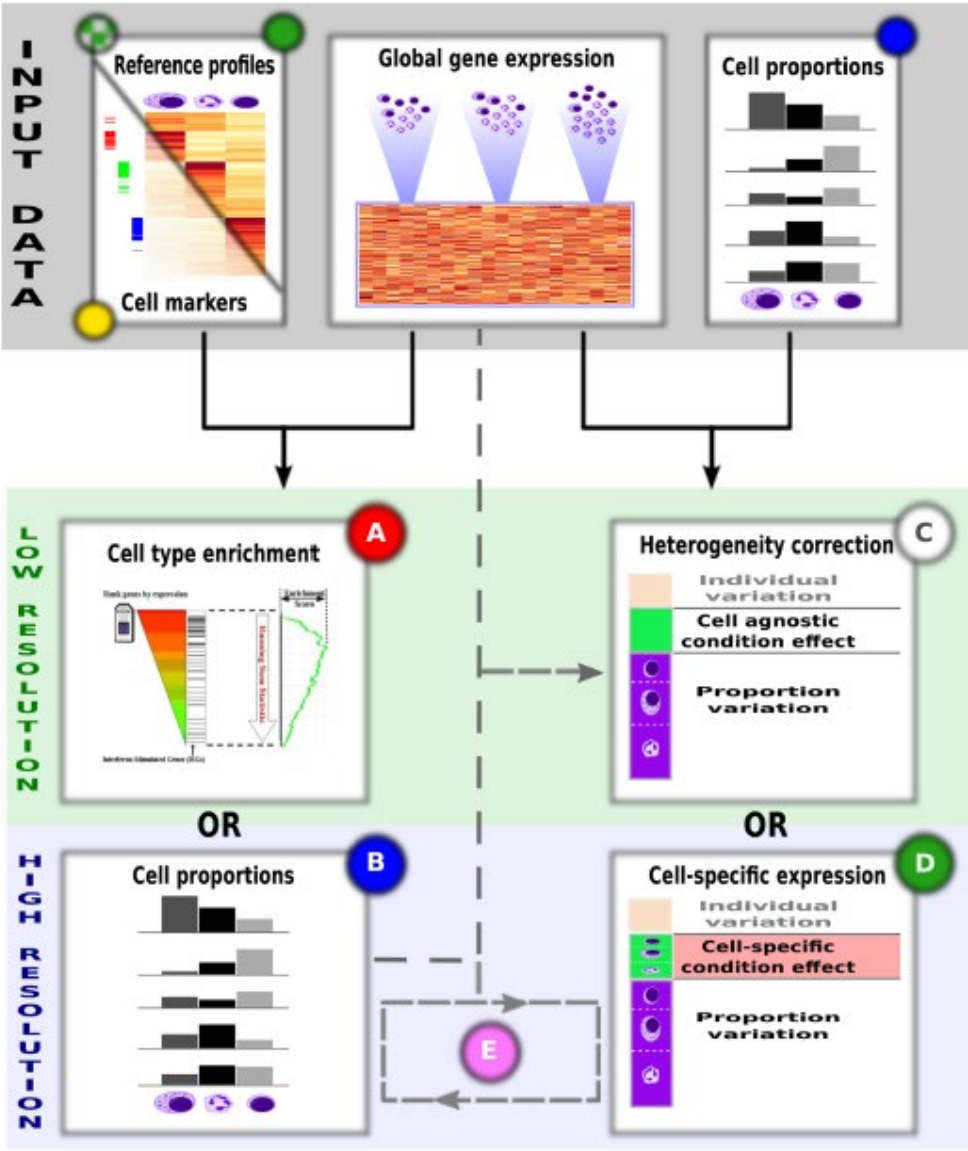
Deconvolution ecosystem

Partial deconvolution

- Estimate the ratios *p* for all individuals with the purified cell signature **X** and bulk mixture **y.**
- Try to infer cell specific expression profiles **X** based on **p** and **y.**

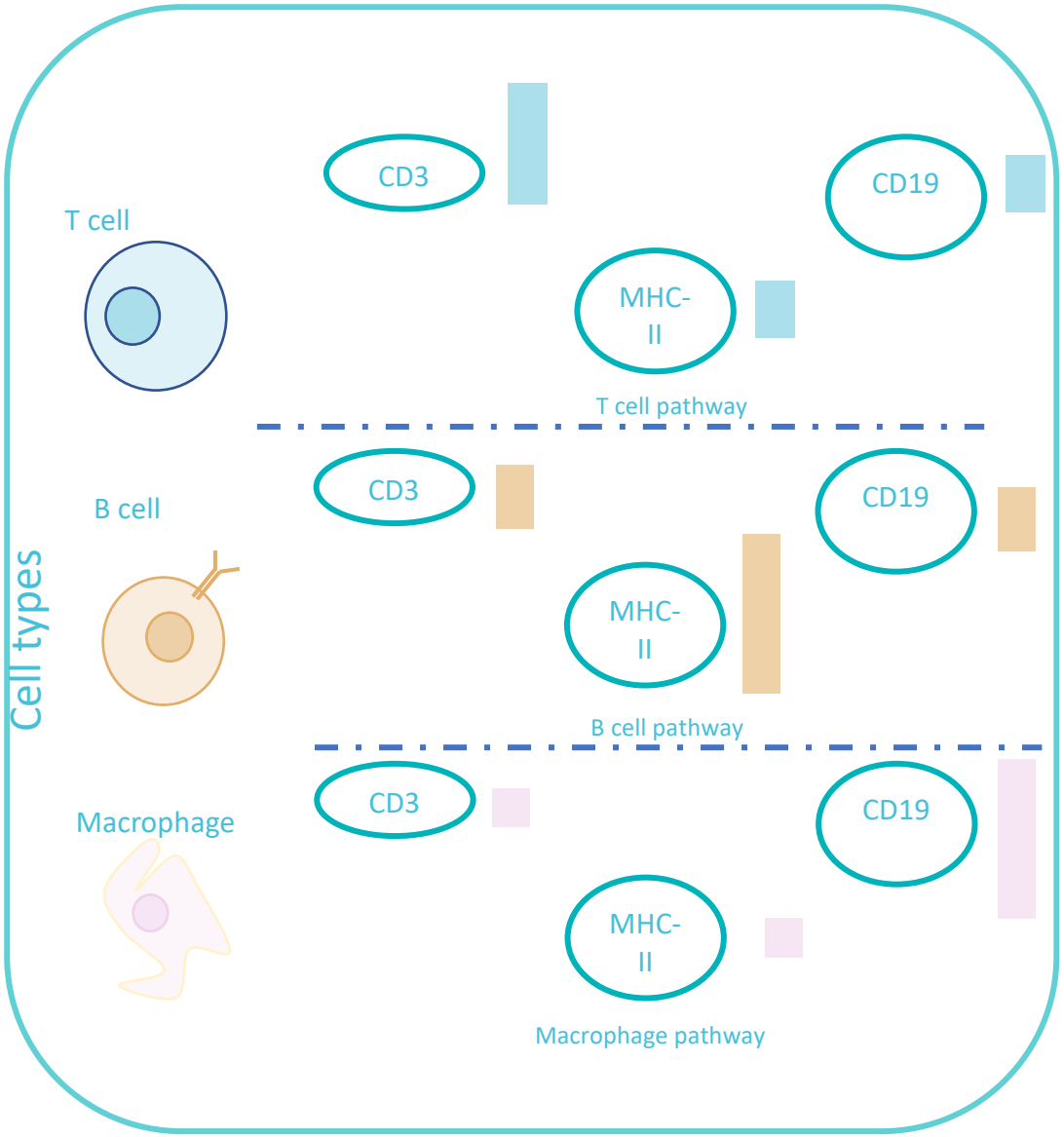
Complete deconvolution

- Try to infer alternatively both **p** and **X** (unsupervised, reference-free methods). Undetermined problem without prior.

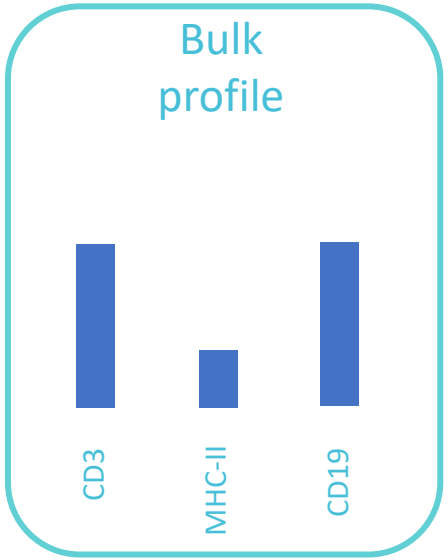


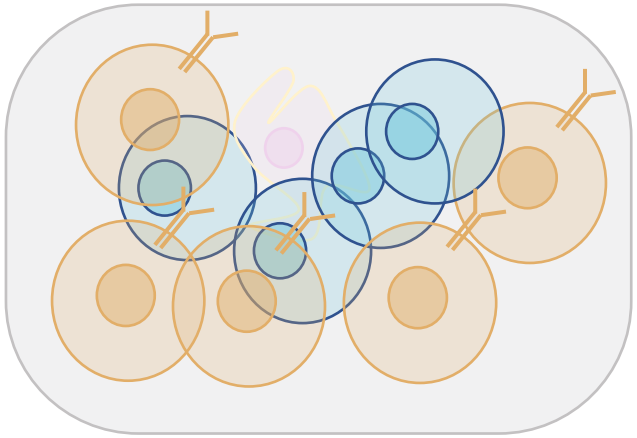
Shen-Orr et al, 2013

Standard deconvolution framework

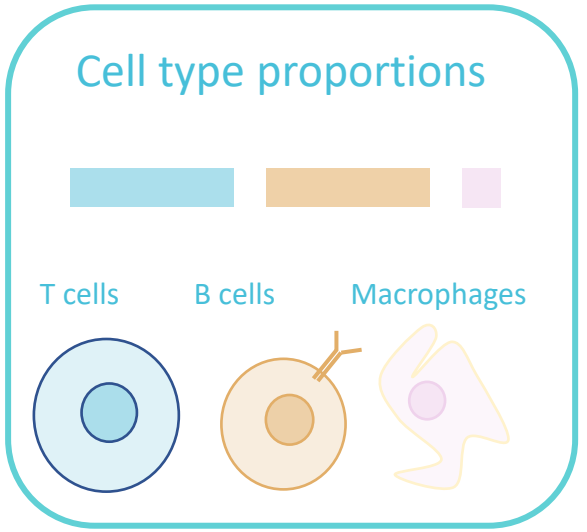


Purified cellular profiles

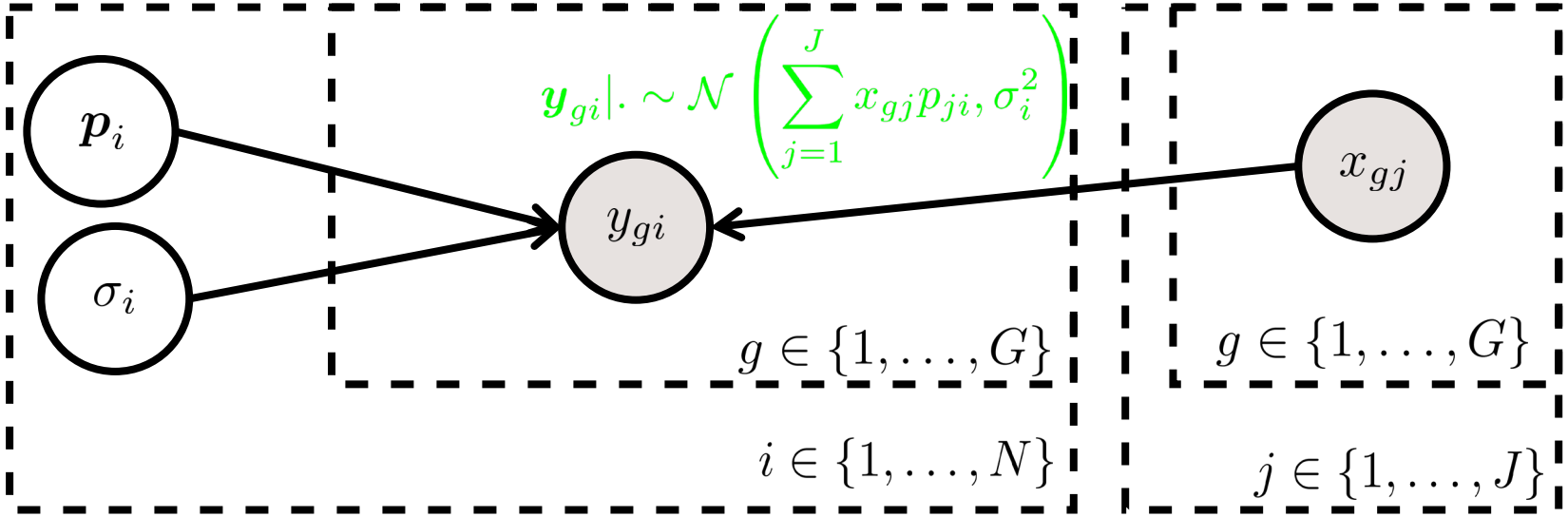




Standard deconvolution



Graphical model of linear regression



Nodes

Constant

Deterministic variable

Stochastic variable

Observations

Parameters

Estimated parameters

$\theta = (\boldsymbol{p}, \sigma)$

Distribution probabilities

Likelihood Laws

$f(\mathcal{D}|\theta)$

DeCovarT framework

Cell types

T cell

CD3

CD19

MHC-II

T cell pathway

B cell

CD3

CD19

MHC-II

B cell pathway

Macrophage

CD3

CD19

MHC-II

Macrophage pathway

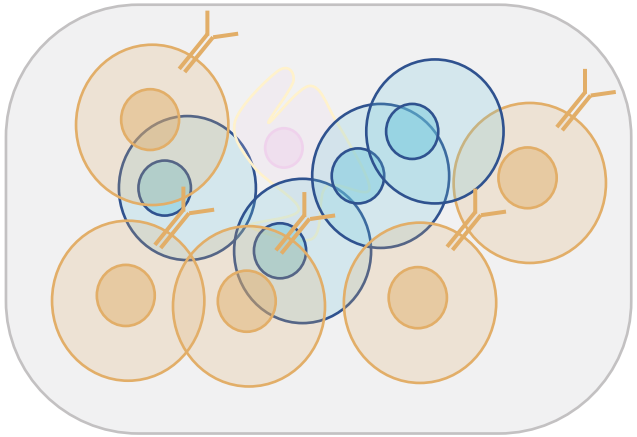
Purified cellular profiles

Bulk profile

CD3

MHC-II

CD19



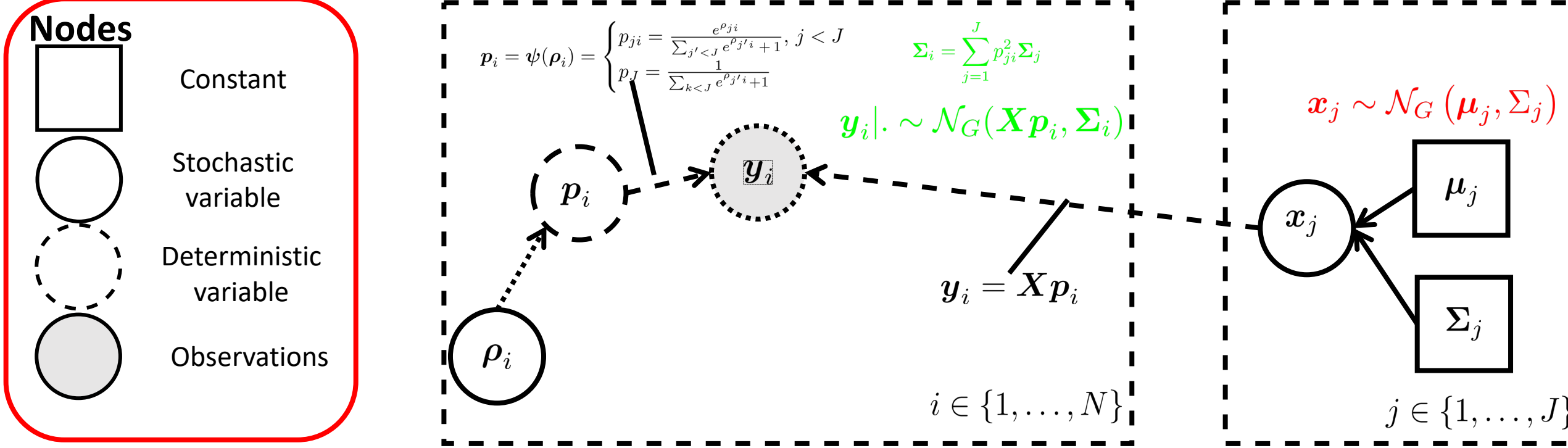
DeCovarT

Cell type proportions

T cells

B cells

Macrophages



Graphical model of DeCoVarT

Parameters

Prior parameters
$\zeta = (\mu, \Sigma)$

Estimated parameters
$\theta = (p, X)$

Distribution probabilities

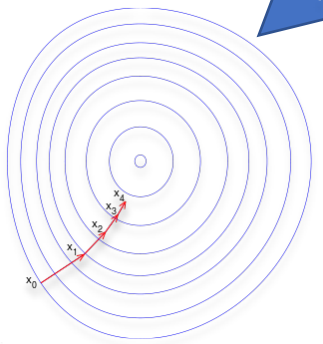
Prior laws
$f(\theta|\xi)$

Likelihood Laws
$f(\mathcal{D}|\theta)$

Optimisation algorithms in R

$$\ell_{\mathbf{y}|\mathbf{X},\Sigma}(\mathbf{p}) = C + \log\left(\det\left(\sum_{j=1}^{J} p_j^2 \Sigma_j\right)^{-1}\right) - \frac{1}{2}(\mathbf{y}-\mathbf{X}\mathbf{p})^\top \left(\sum_{j=1}^{J} p_j^2 \Sigma_j\right)^{-1} (\mathbf{y}-\mathbf{X}\mathbf{p})$$

Log-likelihood associated to the model = log-likelihood of a multivariate Gaussian distribution



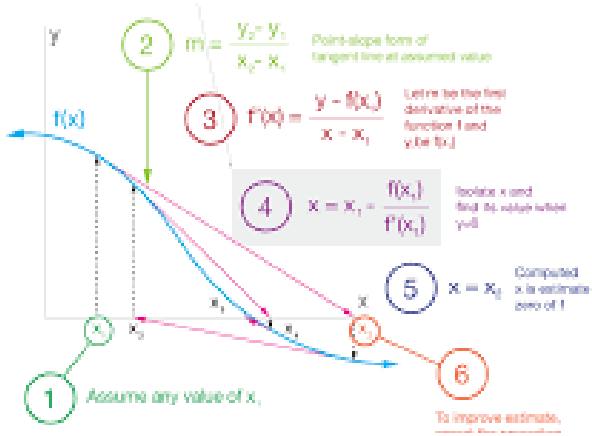
Steepest descent method

$$\theta^{(q+1)} = \theta^{(q)} + \gamma \nabla \ell\left(\theta^{(q)}\right)$$

Updated **Marquardt-Levenberg,** in package *marqLevAlg*

BP Hejblum, 2021, R Journal

$$\theta^{(q+1)} = \theta^{(q)} + \gamma_q \frac{\nabla \ell\left(\theta^{(q)}\right)}{\widetilde{\mathbf{H}}_\ell\left(\theta^{(q)}\right)}$$



Newton Raphson method

$$\theta^{(q+1)} = \theta^{(q)} + \frac{\nabla \ell\left(\theta^{(q)}\right)}{\mathbf{H}_\ell\left(\theta^{(q)}\right)}$$

#RR2023 Rencontres R AVIGNON 2023

LPSM

SERVIER

Aider de nouveaux utilisateurs dans la création de graphiques

{CGI} – Charte Graphique de l'Insee

RENCONTRES R - JUIN 2023

Insee Mesurer pour comprendre

{CGI}

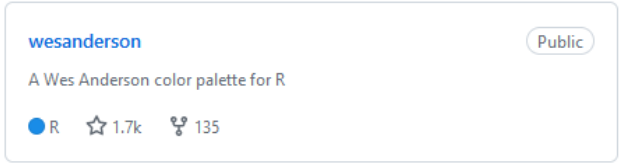
#RR2023 Rencontres R AVIGNON 2023

- L'Insee a changé sa charte graphique en **2021**
- La transition de **SAS** vers **R** (et Python) a été actée en **2022**

➔ Proposer une solution simple pour créer des graphiques respectant les contraintes de la charte sans devoir connaître toutes les subtilités de **ggplot2**

Deux principales inspirations pour l'architecture et les fonctionnalités :

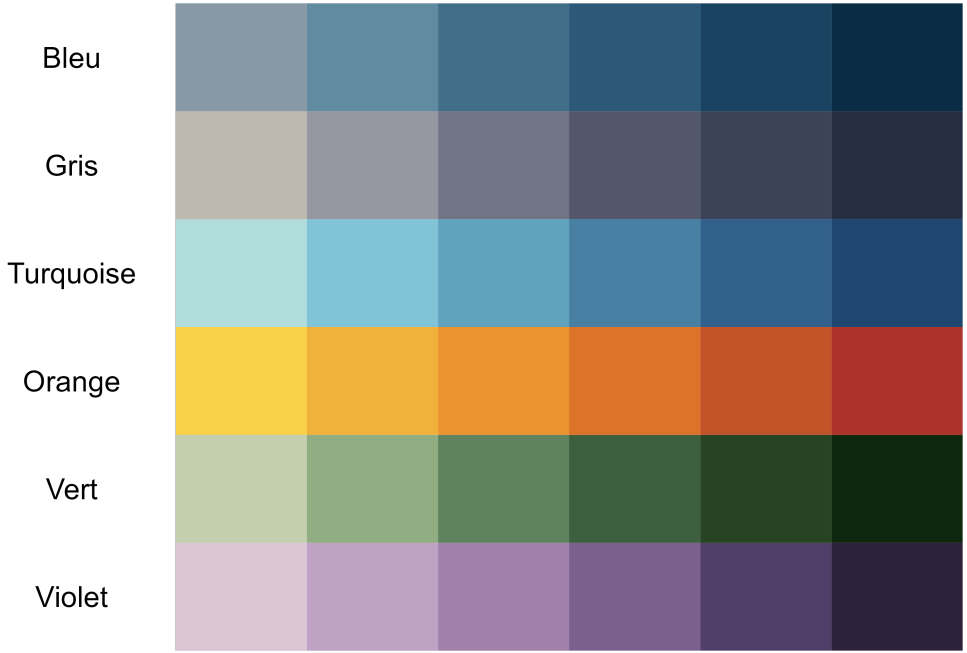
https://github.com/BlakeRMills/MetBrewer



https://github.com/karthik/wesanderson

La génération de palettes

- La fonction centrale : **insee.pal**



La génération de palettes

- La fonction centrale : **insee.pal**
- L'affichage automatique

```r
print.palette <- function(x, ...) {

  n <- length(x)
  old <- par(mar = c(0.5, 0.5, 0.5, 0.5))
  on.exit(par(old))

  image(1:n, 1, as.matrix(1:n), col = x, xlab = "x",
        ylab = "", xaxt = "n", yaxt = "n", bty = "n")

  rect(0, 0.94, n + 1, 1.06, col = rgb(1, 1, 1, 0.8), border = NA)
  text(seq(1,n,1), 1, labels = x, cex = seq(1.7,0.6,-.1)[n], family = "sans")

}
```

La génération de palettes

- La fonction centrale : **insee.pal**
- L'affichage automatique
- La copie automatique dans le presse-papier

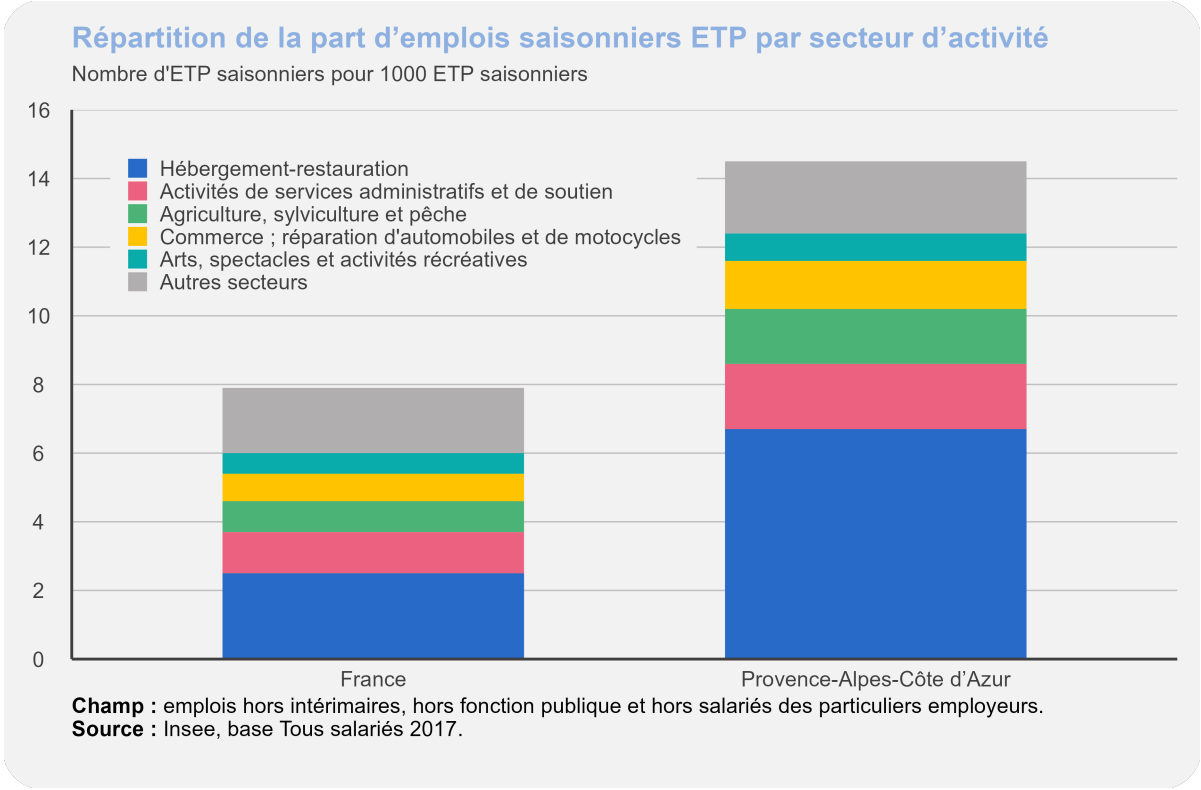
```
print.palette <- function(x, ...) {

  if(!is.null(getOption("copie.palette")) && getOption("copie.palette")){
    writeLines(
      paste0("c(",
             paste0(paste0('"',x,'"'),
                    collapse = ", "),
             ")"),
      con = "clipboard",
      sep = ""
    )
    if(requireNamespace("rlang", quietly = T)){
      rlang::warn("La palette a \u00E9t\u00E9 automatiquement copi\u00E9e dans le presse-papiers. Pour changer ce
comportement, faites options(copie.palette = FALSE)",
                  .frequency = "regularly",
                  .frequency_id = "autocopy_cgi")
    }

}
```

```
.onLoad <- function(libname, pkgname) {

  options(copie.palette = TRUE)

}

.onAttach <- function(libname, pkgname) {

  options(copie.palette = TRUE)

}
```

Des ajouts maison

- Une gestion de la **note de lecture** et de la **position des titres** des graphiques
- Création de **palettes sur mesure**

Un thème pour ggplot2




```r
theme_insee <- function(taille.texte = 6,
                        axe.y = FALSE,
                        legende = TRUE,
                        axes.secondaires = FALSE,
                        axes.ticks = FALSE,
                        fond.gris = TRUE)
{

  if(axe.y == TRUE){
    b_axis.line.y = ggplot2::element_line()
  } else {
    b_axis.line.y = ggplot2::element_blank()
  }

  ...

  ggplot2::theme(
    text = ggplot2::element_text(
      family = "sans",
      colour = "#3F3F3F",
      size = taille.texte
    ),
    line = ggplot2::element_line(
      color = "#3F3F3F",
      linewidth = 0.5
    ),

    ...

}
```

Proposer de nouvelles fonctionnalités

- Permettre d'avoir des entrées personnalisées dans la note de lecture …
- Ajouter de nouveaux thèmes (notamment pour les cartes et les tableaux) …
- … mais au prix de dépendances ? (**grid**, **ggtext**, **gt**, **…**)

Proposer de nouvelles fonctionnalités

- Permettre d'avoir des entrées personnalisées dans la note de lecture …
- Ajouter de nouveaux thèmes (notamment pour les cartes et les tableaux) …
- … mais au prix de dépendances ? (**grid**, **ggtext**, **gt**, **…**)

Un besoin de contributions

- Continuer à s'inspirer de ce qui se fait ailleurs (**gouvdown**, **bbplot**, …)
- Étendre son utilisation en interne pour tester les fonctionnalités et recenser les besoins

Merci pour votre attention !

insee.fr

Jean DUPIN
Direction Régionale de Bourgogne-Franche-Comté

Insee Mesurer pour comprendre

#RR2023 Rencontres R AVIGNON 2023

Applications Shiny pour le suivi de systèmes agricoles et environementaux

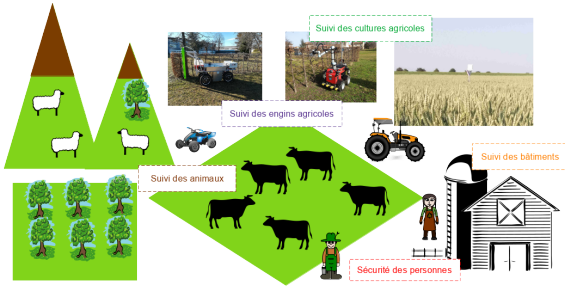
Journées R 2023, Avignon

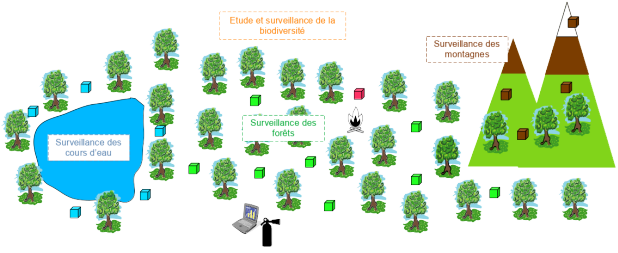
Loris Croce Thierry Faure Gil De Sousa

21/06/2023

INRAE

Introduction





IoT et systèmes agricoles et environnementaux

- Besoin de surveillance des cultures
- Agroécologie :
  - Économiser les ressources en eau
  - Dispositif “low-tech” : réutiliser, minimiser les dispositifs
- Dispositif extérieur :
  - Communication longue portée
  - Autonomie d’énergie

→ Visualisation et contrôle à distance

Projet CoSWoT

- CoSWoT pour *Constrained Semantic Web of Things*
  - Développement de composants logiciels pour systèmes de contraints (ESP32) à très contraints (Arduino Uno)
    - Logiciel “Servient” : composant logiciel client/serveur Web, composé de différents modules dont un gestionnaire d’entrée/sortie et un raisonneur
  - Différents cas d’usage :
    - Bâtiment intelligent
    - Agriculture

Cas d’études irrigation

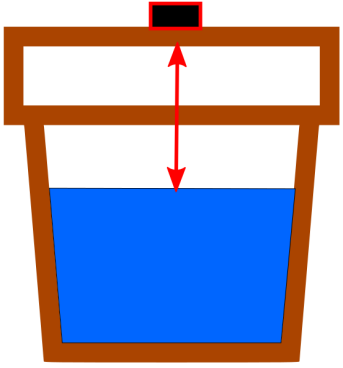


Figure 1: Niveau d’eau

Figure 2: Installation

Cas d’études irrigation

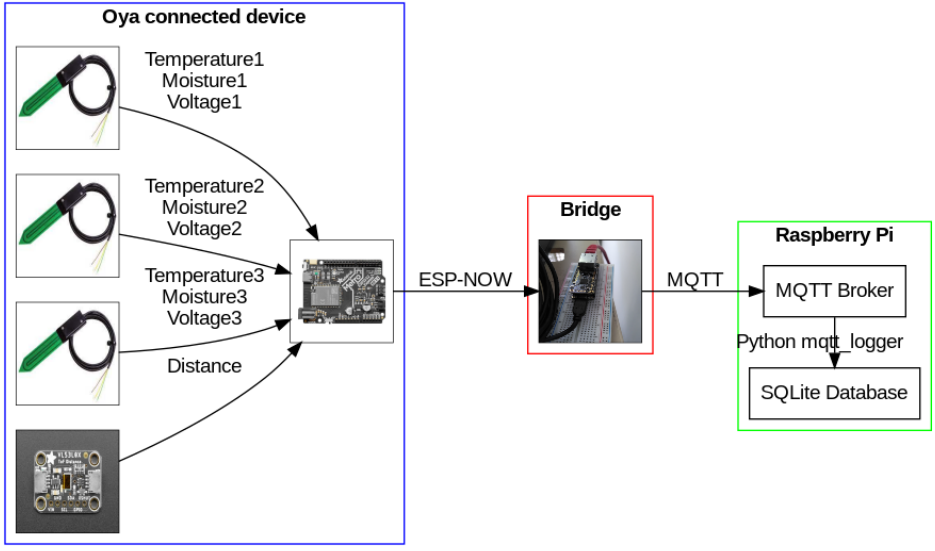


Figure 3: Schéma de l’architecture

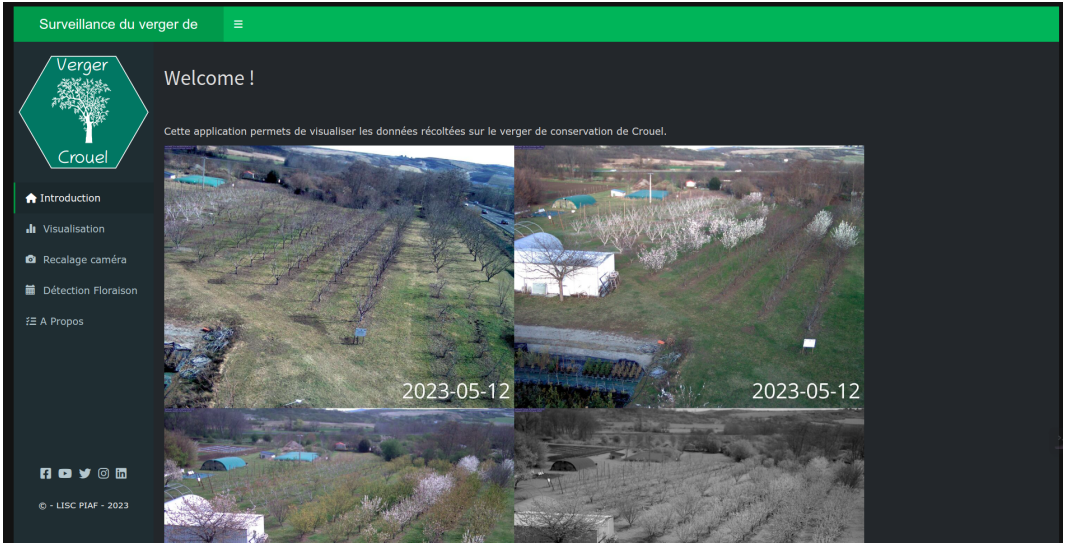
Cas d’études irrigation

Cas d’études surveillance verger

- Verger de conservation de variétés anciennes d’arbres fruitiers
- Plusieurs sites INRAE
- Caméra posée sur un mat de 15m

→ détection des stades : floraison, poussée & chute de feuilles

Cas d’études surveillance verger



Conclusion et perspectives

- R Shiny est un bon outil pour créer des dashboards IoT pour l'agriculture et l'environnement
  - Les dashboards peuvent être organisés par lieu d'expérimentation, par cas d'étude voire par scénario avec des paramètres dédiés
  - Les dashboards permettent de conserver une "reproductibilité" des traitements appliqués tout en conservant les données "brutes" historisées (c'est-à-dire ne pouvant être ni modifiées ni supprimées)
- Il est possible de l'embarquer sur des modèles contraints type Raspberry Pi
- Il permet d'intégrer directement des modèles pour les données IoT

Camtrapviz, une interface Shiny pour visualiser les données de pièges photographiques

Lisa Nicvert

Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive, Villeurbanne (France)

Stéphane Dray

Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive, Villeurbanne (France)

Hervé Fritz

REHABS International Research Laboratory, George (Afrique du Sud)

Sustainability Research Unit, George (Afrique du Sud)

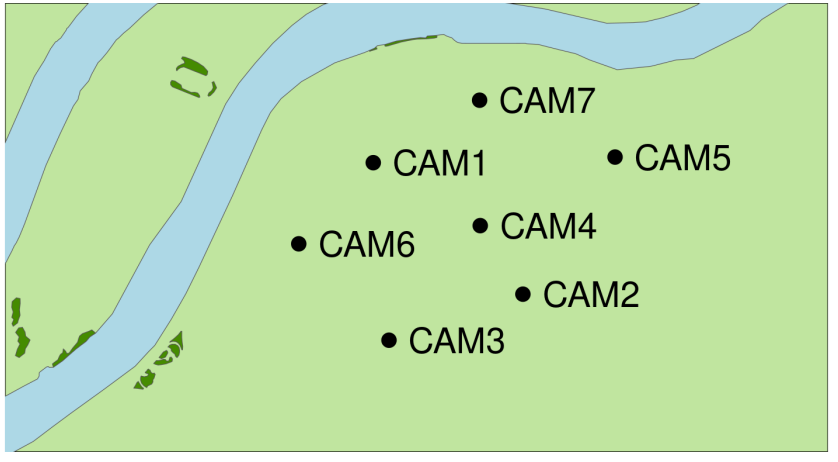
21 juin 2023 – Rencontres R, Avignon

Photo: steenbok (Snapshot Safari, modifié par Lisa Nicvert)

Pièges photos (camtraps)

Piège photo sur le terrain

- Appareils photos à déclenchement automatique
- Savoir quelles espèces sont présentes, quand et où



Déploiement de pièges photos

Photo : Karoo NP, Lisa Nicvert | Fond de carte : © contributeurs OpenStreetMap

Données

Photos → données tabulées :

Observations

Espèce	Date	Heure	Piège photo	…
elephant	2023-21-06	14:57:12	CAM1	
elephant	2023-24-06	06:06:42	CAM2	
gnou	2023-24-06	07:42:11	CAM1	

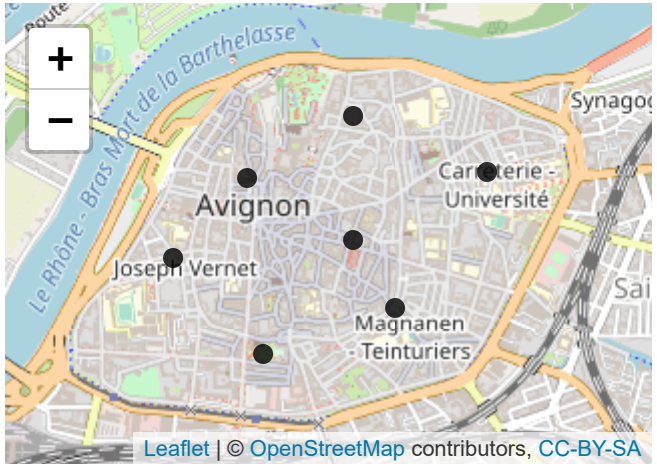
Pièges photos

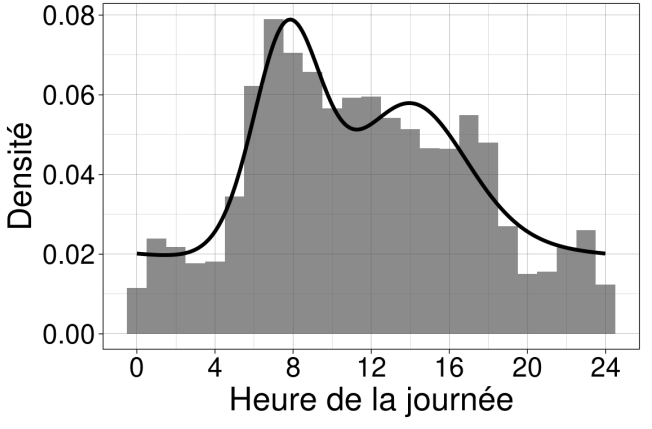
Piège photo	Latitude	Longitude	…
CAM1	43.9790	4.8909	
CAM2	43.9500	4.8159	
CAM3	43.9521	4.8074	

Analyses

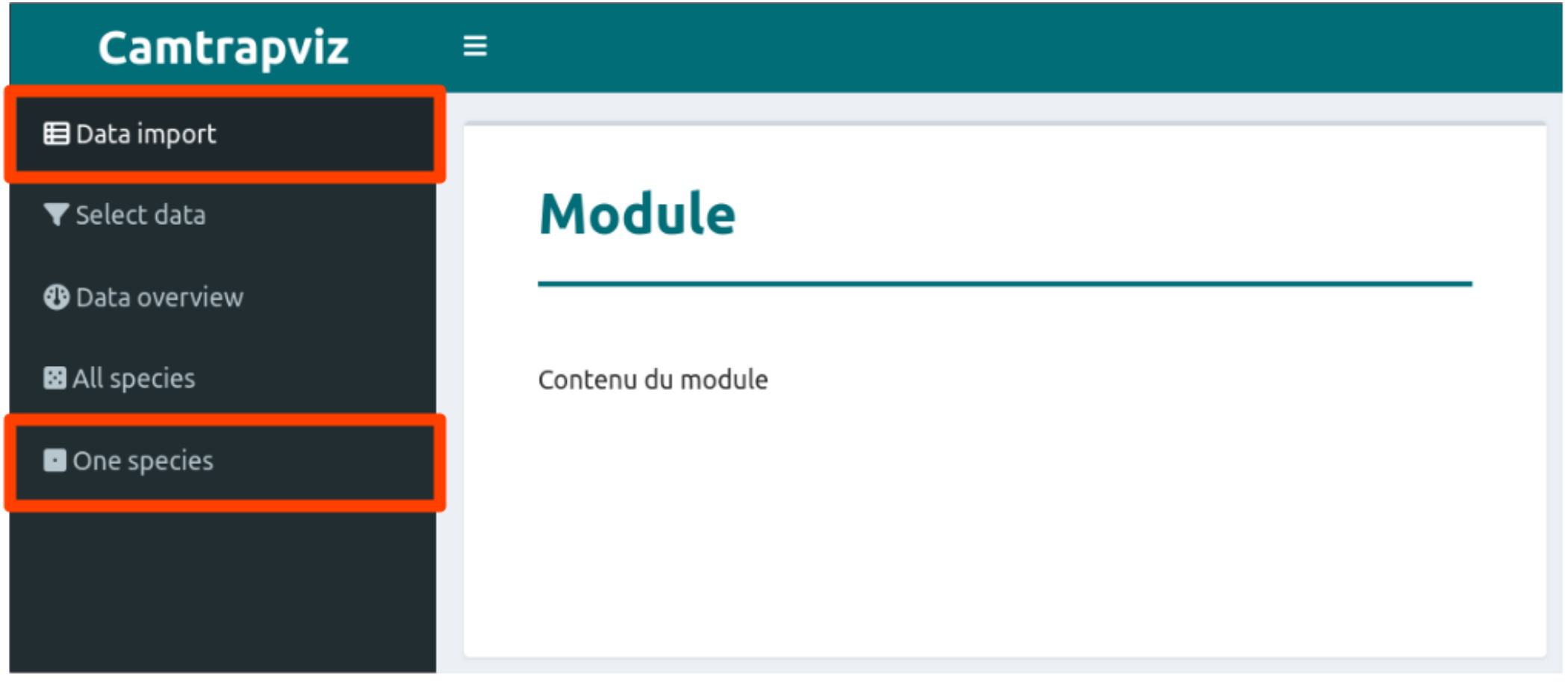
- **Indicateurs descriptifs :** nombre de pièges photos actifs
- **Graphiques :** cartes
- **Analyses spécifiques aux pièges photos :** activité temporelle des espèces

TRAPPING NIGHTS
55





Camtrapviz, c’est une app Shiny



Camtrapviz, c’est une app Shiny

Data import

How to you want to import data?

○ Load example file ◉ Upload file

Records table

Choose records table

Camera

cameraID

Species

snapshotName

Date / time column(s)

◉ Date and time ○ Timestamp

Date

eventDate

Time

eventTime

Count (optional)

countMax

Cameras table

☑ Import cameras table

Choose cameras table

Camera

cameraID

Latitude/y

Lat_Y

Longitude/x

Long_X

Setup.Time
Lat_Y
Long_X
Cam.Brand
Flash
Cam.Serial.No
Height
Fixture

(CRS)

Camera retrieval (optional)

Not present in data

One species analyses

Choose species

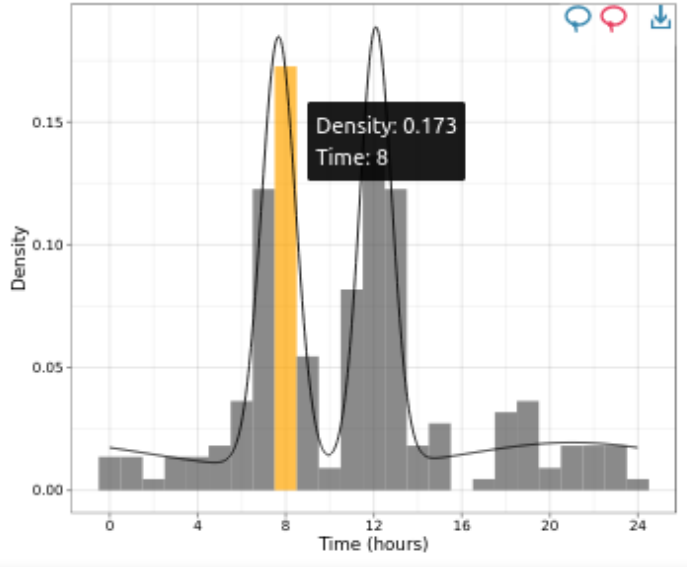
gemsbok

Activity plot

Number of mixture components

3

</> Show code

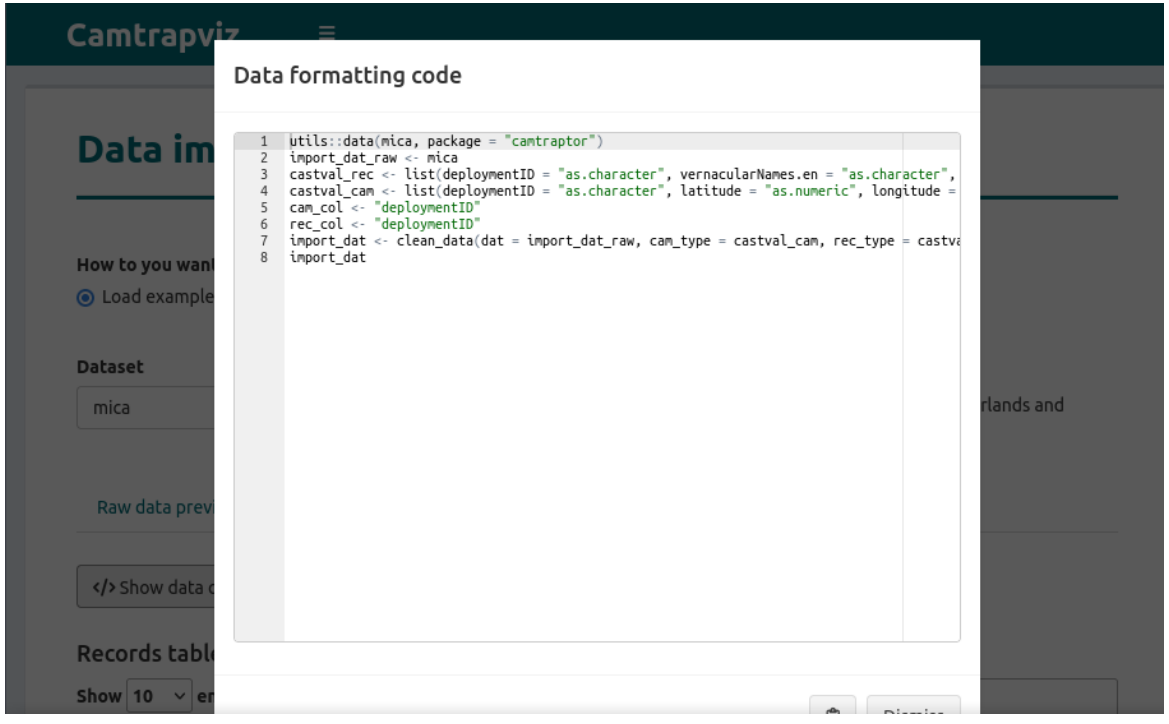


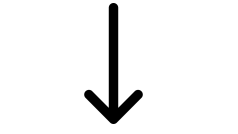
Exporter le code depuis l'app Shiny

Le package `Shinymeta` permet de générer le code R pour reproduire l'analyse Shiny

</> Show data cleaning code

Download script





Icône d'interface : Freepik - Flaticon

Camtrapviz, c’est aussi un package

- Utilisation en dehors de l’interface Shiny
- Installation facile
- Documentation

Icône de package : juicy_fish - Flaticon

Pourquoi cette app ?

- Visualiser facilement les données de pièges photos
- En s’appuyant sur l’écosystème R en écologie

Dessin : Allison Horst

Merci !

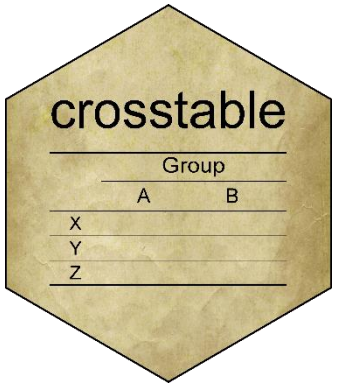
Code disponible sur GitHub:
https://github.com/LisaNicvert/camtrapviz

LisaNicvert

@lisanicvert

Photo : steenbok (Snapshot Safari, modifié par Lisa Nicvert)

#RR2023 Rencontres R AVIGNON 2023



https://github.com/DanChaltiel/crosstable

Crosstable

L'analyse descriptive pour les nuls

(et les autres)

GUSTAVE ROUSSY
CANCER CAMPUS GRAND PARIS

Dan Chaltiel

Biostatisticien

Institut Gustave Roussy

cesp

Oncostat

Centre de recherche en épidémiologie et santé des populations

Crosstable: exemple 1

```
library(crosstable)
ct1 = crosstable(mtcars2, c(disp, vs), by=am, total="both",
                 percent_pattern="{n} ({p_row}/{p_col})", percent_digits=0) %>%
  as_flextable()
ct1
```

by=am

total="both" (row)

label	variable	Transmission		Total
		auto	manual	
Displacement (cu.in.)	Min / Max	120.1 / 472.0	71.1 / 351.0	71.1 / 472.0
	Med [IQR]	275.8 [196.3;360.0]	120.3 [79.0;160.0]	196.3 [120.8;326.0]
	Mean (std)	290.4 (110.2)	143.5 (87.2)	230.7 (123.9)
	N (NA)	19 (0)	13 (0)	32 (0)
Engine	straight	7 (50%/37%)	7 (50%/54%)	14 (44%)
	vshaped	12 (67%/63%)	6 (33%/46%)	18 (56%)
	Total	19 (59%)	13 (41%)	32 (100%)

c(disp, vs)

total="both" (col)

percent_pattern="{n} ({p_row}/{p_col})«
percent_digits=0

Crosstable: exemple 1

```
library(crosstable)
ct1 = crosstable(mtcars2, c(disp, vs), by=am, total="both",
                 percent_pattern="{n} ({p_row}/{p_col})", percent_digits=0) %>%
  as_flextable()
ct1
```

by=am

total="both" (row)

label	variable	Transmission		Total
		auto	manual	
Displacement (cu.in.)	Min / Max	120.1 / 472.0	71.1 / 351.0	71.1 / 472.0
	Med [IQR]	275.8 [196.3;360.0]	120.3 [79.0;160.0]	196.3 [120.8;326.0]
	Mean (std)	290.4 (110.2)	143.5 (87.2)	230.7 (123.9)
	N (NA)	19 (0)	13 (0)	32 (0)
Engine	straight	7 (50%/37%)	7 (50%/54%)	14 (44%)
	vshaped	12 (67%/63%)	6 (33%/46%)	18 (56%)
	Total	19 (59%)	13 (41%)	32 (100%)

c(disp, vs)

total="both" (col)

percent_pattern="{n} ({p_row}/{p_col})«
percent_digits=0

Crosstable: exemple 2

```
ct2 = crosstable(mtcars2, c(starts_with("cy"), ends_with("at")), by=c(am, vs),
                 label=FALSE, num_digits=3, funs=c(mean, quantile),
                 funs_arg=list(probs=c(.25,.75))) %>%
  as_flextable(compact=TRUE, header_show_n=1:2)
ct2
```

header_show_n=1:2
Shows the group size

by=c(am, vs)

variable	vs=straight (n=14)		vs=vshaped (n=18)	
	am=auto (n=7)	am=manual (n=7)	am=auto (n=12)	am=manual (n=6)
cyl				
4	3 (27.27%)	7 (63.64%)	0 (0%)	1 (9.09%)
6	4 (57.14%)	0 (0%)	0 (0%)	3 (42.86%)
8	0 (0%)	0 (0%)	12 (85.71%)	2 (14.29%)
drat				
mean	3.570	4.149	3.121	3.935
quantile 25%	3.385	3.965	3.052	3.690
quantile 75%	3.920	4.165	3.165	4.140

starts_with("cy")

ends_with("at")

funs=c(mean, quantile)

funs_arg=list(probs=c(.25,.75))

num_digits=3

Crosstable: exemple 2

```
ct2 = crosstable(mtcars2, c(starts_with("cy"), ends_with("at")), by=c(am, vs),
                 label=FALSE, num_digits=3, funs=c(mean, quantile),
                 funs_arg=list(probs=c(.25,.75))) %>%
  as_flextable(compact=TRUE, header_show_n=1:2)
ct2
```

header_show_n=1:2
Shows the group size

by=c(am, vs)

variable	vs=straight (n=14)		vs=vshaped (n=18)	
	am=auto (n=7)	am=manual (n=7)	am=auto (n=12)	am=manual (n=6)
cyl				
4	3 (27.27%)	7 (63.64%)	0 (0%)	1 (9.09%)
6	4 (57.14%)	0 (0%)	0 (0%)	3 (42.86%)
8	0 (0%)	0 (0%)	12 (85.71%)	2 (14.29%)
drat				
mean	3.570	4.149	3.121	3.935
quantile 25%	3.385	3.965	3.052	3.690
quantile 75%	3.920	4.165	3.165	4.140

starts_with("cy")

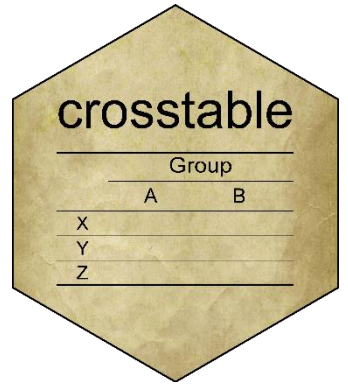
ends_with("at")

funs=c(mean, quantile)

funs_arg=list(probs=c(.25,.75))

num_digits=3

Crosstable: résumé



- Alternative à {table1} et {gtsummary}
- Tidyverse FTW!
  - Tidyselection sur les colonnes
  - Lambda-fonctions pour funs
- Tout est paramétrable via crosstable_options()
- Tout est sur github:
  - Code : https://github.com/DanChaltiel/crosstable
  - Doc : https://danchaltiel.github.io/crosstable/reference/crosstable.html

Usage

```
crosstable(
  data,
  cols = everything(),
  ...,
  by = NULL,
  total = c("none", "row", "column", "both"),
  percent_pattern = "{n} ({p_row})",
  percent_digits = 2,
  num_digits = 1,
  showNA = c("ifany", "always", "no"),
  label = TRUE,
  funs = c(` ` = cross_summary),
  funs_arg = list(),
  cor_method = c("pearson", "kendall", "spearman"),
  drop_levels = FALSE,
  unique_numeric = 3,
  date_format = NULL,
  times = NULL,
  followup = FALSE,
  test = FALSE,
  test_args = crosstable_test_args(),
  effect = FALSE,
  effect_args = crosstable_effect_args(),
  margin = deprecated(),
  .vars = deprecated()
)
```

Crosstable: rapports

- Interface avec {officer} pour l'édition de rapports automatiques

```
1  library(crosstable)
2  library(officer)
3
4  ct1 = crosstable(iris2, by=Species)
5
6  crosstable_options(
7    crosstable_fontsize_body=8,
8    crosstable_padding_v=0,
9  )
10
11 doc = read_docx() %>%
12   body_add_title("Dataset iris (nrow={nrow(iris2)})", 1) %>%
13   body_add_title("Not compacted", 2) %>%
14   body_add_normal("Table @ref(ct1) is an *example*.") %>%
15   body_add_crosstable(ct1) %>%
16   body_add_table_legend("Example table",
17                         bookmark="ct1")
18
19 write_and_open(doc)
```

1. Dataset iris (nrow=150)

1.1. Not compacted

Table **1** is an *example*.

label	variable	Specie		
		setosa	versicolor	virginica
Length of Sepal	Min / Max	4.3 / 5.8	4.9 / 7.0	4.9 / 7.9
	Med [IQR]	5.0 [4.8;5.2]	5.9 [5.6;6.3]	6.5 [6.2;6.9]
	Mean (std)	5.0 (0.4)	5.9 (0.5)	6.6 (0.6)
	N (NA)	50 (0)	50 (0)	50 (0)
Width of Sepal	Min / Max	2.3 / 4.4	2.0 / 3.4	2.2 / 3.8
	Med [IQR]	3.4 [3.2;3.7]	2.8 [2.5;3.0]	3.0 [2.8;3.2]
	Mean (std)	3.4 (0.4)	2.8 (0.3)	3.0 (0.3)
	N (NA)	50 (0)	50 (0)	50 (0)
Length of Petal	Min / Max	1.0 / 1.9	3.0 / 5.1	4.5 / 6.9
	Med [IQR]	1.5 [1.4;1.6]	4.3 [4.0;4.6]	5.5 [5.1;5.9]
	Mean (std)	1.5 (0.2)	4.3 (0.5)	5.6 (0.6)
	N (NA)	50 (0)	50 (0)	50 (0)
Width of Petal	Min / Max	0.1 / 0.6	1.0 / 1.8	1.4 / 2.5
	Med [IQR]	0.2 [0.2;0.3]	1.3 [1.2;1.5]	2.0 [1.8;2.3]
	Mean (std)	0.2 (0.1)	1.3 (0.2)	2.0 (0.3)
	N (NA)	50 (0)	50 (0)	50 (0)

Table 1: Example table

Crosstable: rapports

- Interface avec {officer} pour l'édition de rapports automatiques

```
1  library(crosstable)
2  library(officer)
3
4  ct1 = crosstable(iris2, by=Species)
5
6  crosstable_options(
7    crosstable_fontsize_body=8,
8    crosstable_padding_v=0,
9  )
10
11 doc = read_docx() %>%
12   body_add_title("Dataset iris (nrow={nrow(iris2)})", 1) %>%
13   body_add_title("Not compacted", 2) %>%
14   body_add_normal("Table @ref(ct1) is an *example*.") %>%
15   body_add_crosstable(ct1) %>%
16   body_add_table_legend("Example table",
17                         bookmark="ct1")
18
19 write_and_open(doc)
```

1. Dataset iris (nrow=150)

1.1. Not compacted

Table **1** is an *example*.

label	variable	Specie		
		setosa	versicolor	virginica
Length of Sepal	Min / Max	4.3 / 5.8	4.9 / 7.0	4.9 / 7.9
	Med [IQR]	5.0 [4.8;5.2]	5.9 [5.6;6.3]	6.5 [6.2;6.9]
	Mean (std)	5.0 (0.4)	5.9 (0.5)	6.6 (0.6)
	N (NA)	50 (0)	50 (0)	50 (0)
Width of Sepal	Min / Max	2.3 / 4.4	2.0 / 3.4	2.2 / 3.8
	Med [IQR]	3.4 [3.2;3.7]	2.8 [2.5;3.0]	3.0 [2.8;3.2]
	Mean (std)	3.4 (0.4)	2.8 (0.3)	3.0 (0.3)
	N (NA)	50 (0)	50 (0)	50 (0)
Length of Petal	Min / Max	1.0 / 1.9	3.0 / 5.1	4.5 / 6.9
	Med [IQR]	1.5 [1.4;1.6]	4.3 [4.0;4.6]	5.5 [5.1;5.9]
	Mean (std)	1.5 (0.2)	4.3 (0.5)	5.6 (0.6)
	N (NA)	50 (0)	50 (0)	50 (0)
Width of Petal	Min / Max	0.1 / 0.6	1.0 / 1.8	1.4 / 2.5
	Med [IQR]	0.2 [0.2;0.3]	1.3 [1.2;1.5]	2.0 [1.8;2.3]
	Mean (std)	0.2 (0.1)	1.3 (0.2)	2.0 (0.3)
	N (NA)	50 (0)	50 (0)	50 (0)

Table 1: Example table

Crosstable: pivot/transpose

Pivot : `pivot_wider()` sur les niveaux

```
ct1 = crosstable(mtcars2, c(mpg, drat, wt, qsec), label=F,
                 funs=c(mean, sd))
```

```
ct1 %>% as_flextable()
```

label	variable	value
mpg	mean	20.1
	sd	6.0
drat	mean	3.6
	sd	0.5
wt	mean	3.2
	sd	1.0
qsec	mean	17.8
	sd	1.8

```
pivot_crosstable(ct1) %>%
  as_flextable()
```

→

label	variable	
	mean	sd
mpg	20.1	6.0
drat	3.6	0.5
wt	3.2	1.0
qsec	17.8	1.8

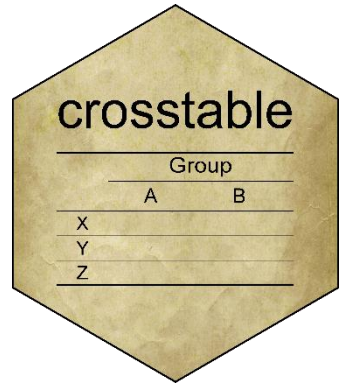
Transpose : inverse `cols` & by

```
ct2 = crosstable(mtcars2, c(mpg, drat), by=am, label=F)
```

```
transpose_crosstable(ct2) %>%
  as_flextable()
```

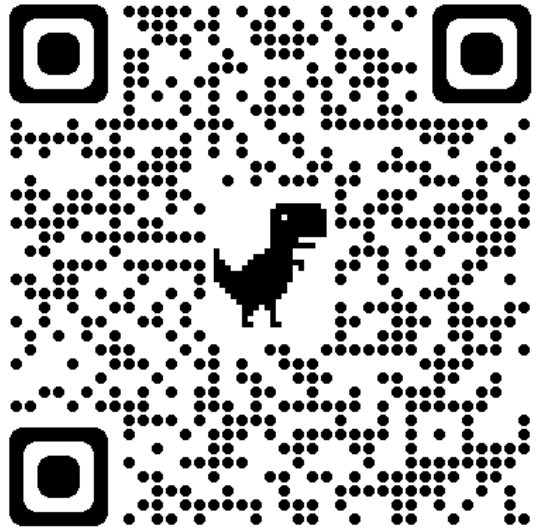
am	variable	label	
		mpg	drat
auto	Min / Max	10.4 / 24.4	2.8 / 3.9
	Med [IQR]	17.3 [14.9;19.2]	3.1 [3.1;3.7]
	Mean (std)	17.1 (3.8)	3.3 (0.4)
	N (NA)	19 (0)	19 (0)
manual	Min / Max	15.0 / 33.9	3.5 / 4.9
	Med [IQR]	22.8 [21.0;30.4]	4.1 [3.8;4.2]
	Mean (std)	24.4 (6.2)	4.0 (0.4)
	N (NA)	13 (0)	13 (0)

Crosstable: misc



- Plein d'autres fonctions 😀
- Autres formats d'output
  - `as_gt()`, `as_workbook()`
- Gestion des labels
  - `set_label()`, `apply_label()`
  - `rename_with_labels()`
- Helpers pour officer
  - `body_add_normal()`, `body_add_gg2()`
  - `generate_autofit_macro()`

Lien vers la documentation



Merci de votre attention