

# Fiche de commande R

Adrien Taudiere

17 mars 2016

## Table des matières

<b>1</b>	<b>Formalisme</b>	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>Importation et gestion des données avec le package phyloseq</b>	<b>1</b>
2.1	Importation . . . . .	1
2.2	Gestion des objets de classe phyloseq . . . .	1
2.3	Construction d'un arbre phylogénétique à partir des séquences de références . . . . .	1
<b>3</b>	<b>Exploration simple des données</b>	<b>1</b>
<b>4</b>	<b>Diversité alpha</b>	<b>1</b>
<b>5</b>	<b>Diversité beta</b>	<b>1</b>
5.1	Figures . . . . .	1
5.2	Ordinations . . . . .	1
5.3	Permanova . . . . .	1
5.4	Abondance différentielle des OTUs . . . . .	1
5.4.1	Package DESeq2 . . . . .	1
5.4.2	Package edgeR . . . . .	1
5.4.3	Package multtest . . . . .	1
5.4.4	Package mvabund . . . . .	2

## 1 Formalisme

**a** et **b** sont des matrices (**matrix** ()) pour 2 dimensions ou bien des **array** () pour plus de 2 dimensions)

**X** et **Y** sont des vecteurs (**vector** ())

**x** et **y** sont des nombres

**liste** est une liste c'est à dire une groupe d'objet pouvant être différents (**list** ())

**fact** est un facteur (**factor** ())

**df** est un data.frame (liste d'éléments de même longueur; **data.frame** ())

| correspond à 'ou' dans R et dans cette fiche

**m** est un modèle

**obj** est un objet quelconques

**T** = TRUE; **F** = FALSE

**élt** élément

**ddl** degré de liberté

**μ** moyenne

**physeq** object de classe phyloseq

**cond** condition

## 2 Importation et gestion des données avec le package phyloseq

### 2.1 Importation

**import\_biom** ()

**import\_qiime** ()

**merge\_phyloseq** ()

### 2.2 Gestion des objets de classe phyloseq

**prune\_samples** (physeq, cond)

**prune\_taxa** (physeq, cond)

### 2.3 Construction d'un arbre phylogénétique à partir des séquences de références

**AlignSeqs** (as.DNABin (physeq@refseqs))

**StaggerAlignment**

**BrowseSeqs**

**DistanceMatrix**

**upgma** NJ

## 3 Exploration simple des données

**sample\_sums** (physeq)

**taxa\_sums** (physeq)

**sankey\_phyloseq** (physeq)

**treemap** (df)

## 4 Diversité alpha

**plot\_richness** (physeq)

**accu\_plot** (physeq)

**renyi** (physeq, hill = T) On peut utiliser les nombres de Hill dans un modèle linéaire **lm**

## 5 Diversité beta

### 5.1 Figures

**venn\_phyloseq** (physeq) Voir les alternatives moins clefs en main : **venneuler** du package éponyme et **venn.plot** du package **VennDiagram**

**plot\_net**

**plot\_heatmap**

**otu\_circle**

### 5.2 Ordinations

**ordinate** (physeq) La fonction graphique associés est **plot\_ordination** .

### 5.3 Permanova

**adonis** (physeq@otu\_table) Package **vegan**

### 5.4 Abondance différentielle des OTUs

#### 5.4.1 Package DESeq2

**phyloseq\_to\_deseq2**

**DESeq2**

**results**

**plot\_deseq2\_phyloseq**

#### 5.4.2 Package edgeR

**plot\_edgeR\_phyloseq**

#### 5.4.3 Package multtest

**mt**

**plot\_mt**

#### 5.4.4 Package mvabund

manyglm  
anova.manyglm  
summary.manyglm