Lignes de commandes pour les analyses

sur les jeux de données Esophagus et AbRecovery

1- Parcours du fichier de résultat Blast

Le script unifrac\_analysis.pl parcourt le fichier de résultats blast et crée un fichier network avec les liens trouvés avec le seuil blast spécifié. Dans un deuxième temps, il appelle le script code\_general\_unifrac.r en lui fournissant en arguments les chemins pour le fichier network créé et pour le fichier.group ainsi que le seuil blast. Le script code\_general\_unifrac.r va appliquer le calcul de l’UniFrac réseau pour chaque paire de couleur présente dans le réseau et générer deux fichiers : fichier log et fichier de résultats (output de R redirigé).

perl unifrac\_analysis.pl fichier\_blast %identité fichier.group

fichier\_blast = fichier résultant du blast de chaque séquence une contre l’autre

%identité = seuil de Blast à partir duquel on estime qu’il devrait avoir un lien

fichier.group = fichier associant chaque séquence à sa couleur (groupe, taxon, etc.)

OU

pour faire plusieurs analyses d’un coup :

perl multiple\_unifrac\_analysis.pl fichier\_blast %identité\_min %identité\_max fichier.group

2- Selon la destination des fichiers résultats, faire un dossier pour les résultats de chaque jeu de données

mkdir esophagus\_results

mkdir abrecovery\_results

mv \*blast.results2\* esophagus\_results/

mv \*blast.results\_ab\* abrecovery\_results/

3- Parcours du fichier de résultats de R (issu du scrip code\_general\_unifrac.r)

Le script parse\_result\_and\_create\_graph\_no.pl parcourt chaque fichier des répertoires de résultats de Esophagus et AbRecovery. Il fait appel au script make\_graph\_eso.r et make\_graph.r pour créer les graphiques correspondants.

perl parse\_result\_and\_create\_graph\_no.pl \*ajouter mothur

Lignes de commandes pour mothur

./mothur unifrac.unweighted(tree=abrecovery.paup.nj, group=abrecovery.groups, groups=all)

./mothur unifrac.weighted(tree=abrecovery.paup.nj, group=abrecovery.groups)

tree= fichier de l’arbre phylogénétique

group= fichier associant chaque taxon à son groupe

Lignes de commandes pour les simulations

Le script code\_final\_des\_simulations.r effectue les simulations et crée les graphiques correspondant.

R CMD BATCH --no-save code\_final des simulations.r log\_simulations.r