

## Programmer avec le logiciel R (Cours 2)

### A. Objectifs d'apprentissage visés

Suite de l'apprentissage de la programmation avec le logiciel R. Travail avec des variables de type « tableau », import et export de données dans le logiciel R.

### B. Exercices

#### ➤ Exercice 0

A l'aide du logiciel Excel (ou équivalent Open Office), créer un tableau de 5 colonnes et 6 lignes. Donner des noms aux colonnes (ex : « colonne 1 », « colonne 2 », ..., « colonne 5 ») et aux lignes (ex : « ligne 1 », « ligne 2 », ..., « ligne 6 »). Remplir les cases du tableau comme vous le souhaitez.

Sauvegarder ce tableau sous la forme d'un fichier texte (ou fichier CSV), en utilisant des tabulations comme caractères de séparation. Importer le fichier texte obtenu sous R, en conservant les noms des colonnes et les noms des lignes.

- 
- **Pour les exercices suivants, vous devez importer le fichier contenant les profils d'expression de gènes « Mito\_Genes.txt », en utilisant la commande suivante : `read.table(« Mito_Genes.txt », header = T, row.names = 1)`**
- 

#### ➤ Exercice 1

Créer un tableau contenant les profils d'expression des 10 premiers gènes dont les profils d'expression sont écrits dans le fichier « Mito\_Genes.txt ». Exporter ce tableau dans un fichier texte nommé « Mito\_10Genes.txt ». Ouvrir ce fichier à l'aide du logiciel Excel (ou équivalent Open Office).

#### ➤ Exercice 2

Sélectionner le profil d'expression du gène écrit à la ligne 100 du fichier « Mito\_Genes.txt ». Quel est le nom de ce gène ? Quel est (sont) le (les) point(s) de temps pour lesquels le niveau d'expression mesuré est supérieur (strictement) à 7 ? Sélectionner les mesures d'expression des gènes obtenues au temps 10. Combien de gènes ont un niveau d'expression mesuré supérieur (strictement) à 7 ?

➤ Exercice 3

Représenter les histogrammes des mesures d'expression observées pour les points de temps T1 et T2. Utiliser les mêmes intervalles de valeurs (en abscisse) pour ces représentations.

➤ Exercice 4

Représenter les boxplots des mesures d'expression des gènes pour l'ensemble des points de temps. Colorer en bleu les points de temps « impaires » (T1, T2, T3, etc.) et en rouge les points de temps paires (T2, T4, T6, etc.). Nommer les axes et sauvegarder vos graphiques dans un fichier PDF.

➤ Exercice 5

Sélectionner les profils d'expression de tous les gènes qui ont « COX » dans leur nom. Sauvegarder le tableau dans un fichier texte.