**SCRIPTS R POUR L’ANALYSE DES PROFILS AUDIOS**

**Auteur : Sébastien Delmotte, MAD-Environnement**

Les scripts sont à exécuter dans l’ordre suivant :

1. **readDatas\_db.R**

Script permettant de lire les fichiers de données en batch.

* Préalablement, les fichiers doivent être placés dans un répertoire datas du répertoire de travail du projet ETrenommés
* AOEspectraDB (i).csv
* AOEspectraDBnoise (i).csv
* AOEspectraSOAE (i).csv
* anthropo-data (i).csv

**avec i un numéro de 1 au N, N étant le nombre de fichiers à lire**

Le format des fichiers doit être exactement le même que celui de l’étude humaine. Le code des individu doit être formé pour les 3 premières lettres par le nom de sa population.

**ATTENTION** : l’ordre des numéros i des fichiers doit être strictement identique pour tous les type de fichiers. Par exemple, si AOEspectraDB (1) a une population X, alors AOEspectraDBnoise (1) (et les autres fichiers) doit correspondre à la même population. Dans le cas contraire, les données seront mélangées et donc les calculs faux.

* Ligne 5 : modifier le nombre total de fichier à lire (la valeur est à l’origine égale à 14)
* Ligne 28 : il faut préalablement créer un fichier avec uniquement les fréquences de l’étude formatées sur une seule colonne, le nommer Freq.txt et le placer dans le répertoire datas
* Ligne 39 : lecture des données descriptives des individus. Respecter le même format que pour les humains, en particulier le code individu doit être dans une colonne tube\_code
* A partir de la ligne 47, voir si ce code est utile (calcul de l’âge, classification pop)
* **Ligne 68 jusqu’à la fin : n’exécuter ce code qu’une fois avoir localiser des profils anormaux et ne pas oublier évidemment de bien les identifier dans la liste d’exclusion ligne 71**

1. **select\_Freq.R**

Détermination des plages de fréquence pour SNR>3, pour l’audiogramme median et pour le quartile Q1 de l’audiogramme. Toutes pop confondues et par pop.

Pas de difficulté ici si les données ont été bien préparées.

Ce script peut être exécuté avant le retrait de profils anormaux (voir script 1) ou après

1. **trait\_ind.R**

Recherche et identification des profils anormaux, par comparaison des profils complets par individus et par side et calcul des cross-corrélation d’ordre 0.

En sortie, la liste de profils anormaux avec le code de l’individu et sa side, puis les numéros de profils dissemblables (par ordre d’apparition dans le tableau).

Suite à l’exécution de ce code, la liste d’exclusion du script 1 doit être modifiée avant d’être exécutée. Le script 2 peut être ré-exécuter ensuite après exclusion des profils anormaux.

1. **Shapes.R**

Script de calcul des caractéristiques des audiogrammes. Pas de difficulté si els données sont bien préparées selon les étapes précédentes.

Ligne 20 et 21 : modifier les limites de la plage de fréquence sélectionnée.

1. **data\_completion.R**

A exécuter pour ajouter les données « anthropo » aux tableaux de valeurs des caractéristiques calculées