

Analysis of a genome annotation table

Probabilités et statistique pour la biologie (STAT1)

Jacques van Helden

2019-09-13

Contents

Goal of this practical	1
Expected report	1
Expectation for the code	2
Expected content for the interpretation report	2
Exemple historique: génome de la levure	2
Analyse de la longueur des gènes de la levure du boulanger	2
Tutoriel	2
Le chemin de la maison (manuel)	3
Le chemin de la maison (automatique)	3
Création d'un dossier pour le TP	3
Téléchargement du fichier GTF à partir d'EnsemblGenomes	4
Chargement d'un tableau de données	4
Exploration du contenu d'un tableau de données	5
Sélection de sous-ensembles d'un tableau	6
Sélection d'un sous-ensemble de lignes sur base du contenu d'une colonne	7
Décompte par valeur	8
Exercices	9
1. Spécifications du format GTF	9
2. Création d'un dossier local pour le TP	9
3. Localisation du fichier d'annotations	9
4. Téléchargement d'un fichier à partir d'un site ftp	9
5. Chargement d'une table de données en R	9
6. Calcul de la longueur des gènes codants	9
6. Histogramme de la longueur des gènes	11
7. Paramètres descriptifs	15
8. Intervalle de confiance	17
9. Distribution de la longueur des gènes	18
10. Distribution attendue au hasard pour la longueur des gènes	18
11. Avant de terminer : conservez la trace de votre session	19

Goal of this practical

During this practical session, you will run the following tasks:

1. Handle a table containing annotated features of the yeast genome.
2. Select a subset of the data by filtering rows based on a given criterion (annotation type, chromosome, ...)
3. Generate graphics to represent different aspects of the data.
4. Compute estimators of central tendency and dispersion.
5. Compute a confidence interval around the mean.

Expected report

At the end of the practical you will be asked to submit two documents

1. Your **R code**.
2. UA **synthetic report**, which will include a presentation of the main results (figures, descriptive stats, tables) as well as your interpretation of the result.

Expectation for the code

1. The code must be **readable and understandable**: choose variable names that explicitly indicate what they represent.
2. The code must be properly documented (the **#** symbol starts a comment, either at the beginning or in the middle of a line of code).
 - Before each chunk of code, explain what this code is supposed to do, what it serves to.
 - Don't hesitate to occasionally add some comment words to justify the chosen approach.
 - Each time you define a variable, add a comment on the same line to indicate what this variable represents.
3. The code must be **portable**: other people should be able to download it and run it on their computer. For this practical, I will systematically test whether your code can run on my computer. hard-coded absolute paths of a file on your machine should thus always be avoided (we will indicate hereafter how to define relative paths relative to the root of your user account).

Expected content for the interpretation report

Le rapport doit être synthétique (1 page de texte maximum + autant de figures et tables que vous le désirez).

Chaque question doit être exprimée explicitement avant de présenter les résultats qui y répondent et de fournir l'interprétation de ces résultats.

Chaque figure ou table doit être documentée par une légende permettant à un lecteur naïf de comprendre ce qu'elle représente. L'interprétation des résultats affichés sur une figure ou table se trouvera dans le texte principal (avec une référence au numéro de figure ou table).

Exemple historique: génome de la levure

- 1992: publication du premier chromosome eucaryote complet, le 3ème chromosome de la levure.
- 1996: publication du génome complet.

Sur base des gènes du 3ème chromosome (échantillon) on peut estimer la taille moyenne d'un gène de levure.

Questions:

- (a) La moyenne d'échantillon (chromosome III) permettait-elle de prédire la moyenne de la population (génome complet) ?

Pour répondre à cette question, nous imaginerons que nous sommes revenus en 1992, et utiliserons l'ensemble des gènes du chromosome III (considérés ici comme un échantillon du génome) pour estimer la taille moyenne des gènes pour l'ensemble du génome (la "population" de gènes).

- (b) Cet échantillon peut-il être qualifié de "simple et indépendant" ?

Analyse de la longueur des gènes de la levure du boulanger

Tutoriel

Avant de passer aux exercices, nous vous montrons ici quelques éléments de base concernant la lecture, la manipulation et l'écriture des tableaux de données avec R.

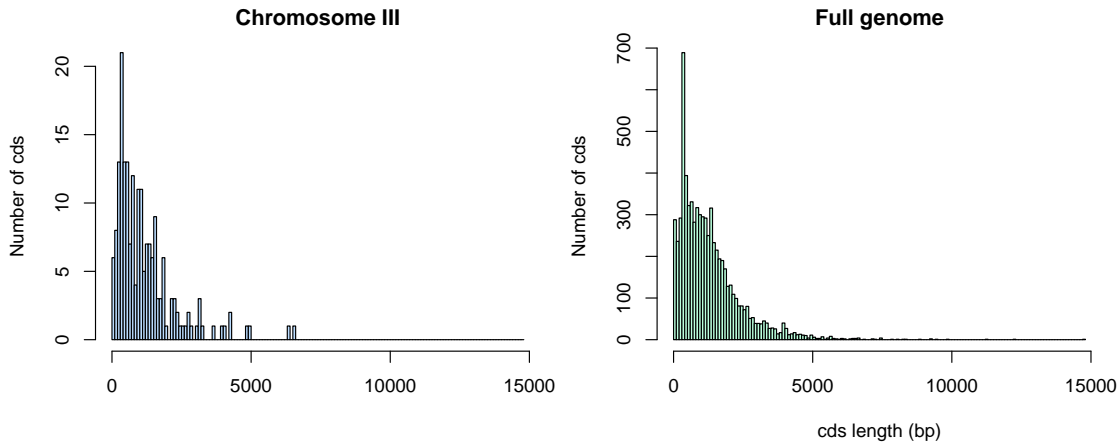


Figure 1: Distribution of cds lengths for *Saccharomyces cerevisiae*.

Le chemin de la maison (manuel)

Nous allons créer un dossier pour ce tuto, en partant de la racine de notre compte.

Première possibilité (**rapide mais peu élégant**): entrer (manuellement) le chemin de la racine de votre compte dans une variable

```
dir.home <- /le/chemin/de/ma/maison
```

- Avantage: rapide et pratique
- Désavantage: non portable, ne fonctionnera que sur votre ordinateur

Le chemin de la maison (automatique)

Une solution plus générale: utiliser la commande **R Sys.getenv()**.

- Invoquée sans paramètre, cette commande liste toutes les variables d'environnement (votre configuration système).
- On peut restreindre l'output à une variable d'environnement donnée, par exemple `Sys.getenv("HOME")` retourne le chemin de la racine de votre compte.

Note: écriture équivalente sous Linux: le symbole tilde ~ indique également le chemin de la racine de votre compte.

```
## Identify the home directory
## by getting the environment variable HOME
dir.home <- Sys.getenv("HOME")
print(dir.home)
```

```
[1] "/Users/jvanheld"
```

Création d'un dossier pour le TP

```
## Define a variable containing the path of the results for this tutorial
dir.tuto <- file.path(dir.home, "stat1", "TP2")

print(dir.tuto)
```

```
[1] "/Users/jvanheld/stat1/TP2"
```

```
## Create the directory for this tutorial
dir.create(path = dir.tuto, showWarnings = FALSE, recursive = TRUE)

## Go to the tutorial directory
setwd(dir.tuto)

## List the files already present in the folder (if any)
list.files()
```

```
[1] "3nt_genomic_Saccharomyces_cerevisiae-ovlp-1str.tab"
[2] "chrom_sizes.tsv"
[3] "Saccharomyces_cerevisiae.R64-1-1.37.gtf.gz"
```

Téléchargement du fichier GTF à partir d'EnsemblGenomes

Astuce: avant de télécharger le fichier d'annotations (GTF) depuis EnsemblGenomes vers notre ordinateur, nous allons vérifier s'il est déjà présent (et dans ce cas on ne le re-télécharge pas).

```
## Define the URL of the annotation file (GTF-formatted)
gtf.URL <- "ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/release-37/fungi/gtf/saccharomyces_cerevisiae/Saccharomyces_cerevisiae.R64-1-1.37.gtf.gz"

## Define the path where the local copy will be stored
local.GTF <- file.path(dir.tuto, "Saccharomyces_cerevisiae.R64-1-1.37.gtf.gz")

## If the local file already exists, skip the download
if (file.exists(local.GTF)) {
  message("GTF file already exists in the tutorial folder: ", local.GTF)
} else {
  ## Download annotation table in GTF format
  download.file(url = gtf.URL, destfile = local.GTF)
}
```

Chargement d'un tableau de données

R comporte plusieurs types de structures tabulaires (matrix, data.frame, table).

La structure la plus couramment utilisée est le **data.frame**, qui consiste en un tableau de valeurs (numériques ou chaînes de caractères) dont les lignes et les colonnes sont associées à des noms.

La fonction **read.table()** permet de lire un fichier texte contenant un tableau de données, et de stocker le contenu dans une variable.

Plusieurs fonctions dérivées de **read.table()** facilitent la lecture de différents types de formats:

- **read.delim()** pour les fichiers dont les colonnes sont délimitées par un caractère particulier (généralement la tabulation, représentée par "\t").
- **read.csv()** pour les fichiers "comma-separated values".

1. Téléchargez le fichier suivant sur votre ordinateur:

- Saccharomyces_cerevisiae.R64-1-1.37.gtf

2. Chargez-le au moyen de la fonction **read.table** (pour cela vous devez remplacer le chemin ci-dessous par celui de votre ordinateur).

```
## Read a GTF file with yeast genome annotations

## Load the feature table
feature.table <- read.table(
```

```

local.GTF,
comment.char = "#",
sep="\t",
header=FALSE,
row.names=NULL)

## The bed format does not contain any column header,
## so we set it manually based on the description of the format,
## found here:
##   http://www.ensembl.org/info/website/upload/gff.html
names(feature.table) <- c("seqname", "source", "feature", "start", "end", "score", "strand", "frame", "transcript_id", "gene_id", "gene_name", "gene_source", "gene_biotype", "exon_number")

```

Exploration du contenu d'un tableau de données

La première chose à faire après avoir chargé un tableau de données est de vérifier ses dimensions

```
dim(feature.table) ## Dimensions of the table
```

```
[1] 43028      9
```

```
nrow(feature.table) ## Number of rows
```

```
[1] 43028
```

```
ncol(feature.table) ## Number of columns
```

```
[1] 9
```

L'affichage du tableau d'annotations complet ne serait pas très lisible, puisqu'il comporte des dizaines de milliers de lignes.

Nous pouvons afficher les premières lignes avec la fonction `head()`.

Note: la dernière colonne est particulièrement lourde (elle contient un tas d'information). Nous verrons plus loin comment sélectionner un sous-ensemble des colonnes pour alléger l'affichage.

```
## Display the 5 first rows of the feature table
head(feature.table, n = 5)
```

	seqname	source	feature	start	end	score	strand	frame
1	IV	SGD	gene	1802	2953	.	+	.
2	IV	SGD	transcript	1802	2953	.	+	.
3	IV	SGD	exon	1802	2953	.	+	.
4	IV	SGD	CDS	1802	2950	.	+	0
5	IV	SGD	start_codon	1802	1804	.	+	0

```

1
2
3
4 gene_id YDL248W; transcript_id YDL248W; exon_number 1; gene_name COS7; gene_source SGD; gene_biotype protein_coding;
5 gene_id YDL248W; transcript_id YDL248W; exon_number 1; gene_name COS7; gene_source SGD; gene_biotype protein_coding;

```

La fonction `tail()` affiche les dernières lignes:

```
## Display the 5 last rows of the feature table
tail(feature.table, n = 5)
```

	seqname	source	feature	start	end	score	strand	frame
43024	Mito	SGD	transcript	85554	85709	.	+	.
43025	Mito	SGD	exon	85554	85709	.	+	.

43026	Mito	SGD	CDS	85554	85706	.	+	0
43027	Mito	SGD	start_codon	85554	85556	.	+	0
43028	Mito	SGD	stop_codon	85707	85709	.	+	0

```

43024                                     gene_id Q0297; transcript_id Q0297; gene_sour
43025                                     gene_id Q0297; transcript_id Q0297; exon_number 1; gene_source SGD; gene_biot
43026 gene_id Q0297; transcript_id Q0297; exon_number 1; gene_source SGD; gene_biotype protein_coding;
43027                                     gene_id Q0297; transcript_id Q0297; exon_number 1; gene_sour
43028                                     gene_id Q0297; transcript_id Q0297; exon_number 1; gene_sour

```

If you are using the **RStudio** environment, you can display the table in a dynamic viewer pane with the function `View()`.

```
## In RStudio, display the table in a separate tab
View(feature.table)
```

Sélection de sous-ensembles d'un tableau

Sélection d'une ligne spécifiée par son indice.

```
feature.table[12,]
```

	seqname	source	feature	start	end	score	strand	frame
12	IV	SGD	stop_codon	3834	3836	.	+	0

```
12 gene_id YDL247W-A; transcript_id YDL247W-A; exon_number 1; gene_source SGD; gene_biotype protein_coding;
```

Sélection d'une colonne spécifiée par son indice (affichage des premières valeurs seulement).

```
head(feature.table[,3])
```

```
[1] gene      transcript exon      CDS      start_codon stop_codon
Levels: CDS exon gene start_codon stop_codon transcript
```

Sélection d'une cellule en combinant indices de ligne et colonne.

```
feature.table[12, 3]
```

```
[1] stop_codon
Levels: CDS exon gene start_codon stop_codon transcript
```

Sélection d'un bloc de colonnes et/ou de lignes.

```
feature.table[100:105, 1:6]
```

	seqname	source	feature	start	end	score
100	IV	SGD	CDS	34240	36477	.
101	IV	SGD	start_codon	36475	36477	.
102	IV	SGD	stop_codon	34237	34239	.
103	IV	SGD	gene	36797	38173	.
104	IV	SGD	transcript	36797	38173	.
105	IV	SGD	exon	36797	38173	.

Sélection de colonnes "à la carte" (ici, les coordonnées génomiques de chaque "feature"): chromosome, début, fin, brin.

```
feature.table[100:105, c(1,4,5,7)]
```

	seqname	start	end	strand
100	IV	34240	36477	-
101	IV	36475	36477	-

102	IV	34237	34239	-
103	IV	36797	38173	+
104	IV	36797	38173	+
105	IV	36797	38173	+

Sélectionner une colonne sur base de son nom.

```
## Select the "start" column and print the 100 first results
head(feature.table$start, n=100)
```

```
[1] 1802 1802 1802 1802 1802 2951 3762 3762 3762 3762 3762
[12] 3834 5985 5985 5985 5985 5985 7812 8683 8683 8683 8686
[23] 9754 8683 11657 11657 11657 11660 13358 11657 16204 16204 16204
[34] 16204 16204 17224 17577 17577 17577 17580 18564 17577 18959 18959
[45] 18959 18959 18959 19310 20635 20635 20635 20635 20635 21004 22471
[56] 22471 22471 22474 22606 22471 22823 22823 22823 22823 22823 25874
[67] 26403 26403 26403 26406 28773 26403 28985 28985 28985 28988 30452
[78] 28985 30657 30657 30657 30657 30657 31827 32296 32296 32296 32296
[89] 32296 33232 33415 33415 33415 33418 33916 33415 34237 34237 34237
[100] 34240
```

```
## Print the 20 first values of the "feature" field, which indicates the feature type
head(feature.table$feature, n=20)
```

```
[1] gene      transcript exon      CDS      start_codon
[6] stop_codon gene      transcript exon      CDS
[11] start_codon stop_codon gene      transcript exon
[16] CDS      start_codon stop_codon gene      transcript
Levels: CDS exon gene start_codon stop_codon transcript
```

Sélection de plusieurs colonnes sur base de leurs noms.

```
## Select the "start" column and print the 100 first results
feature.table[100:106, c("seqname", "start", "end", "strand")]
```

	seqname	start	end	strand
100	IV	34240	36477	-
101	IV	36475	36477	-
102	IV	34237	34239	-
103	IV	36797	38173	+
104	IV	36797	38173	+
105	IV	36797	38173	+
106	IV	36797	38170	+

Note: il est également possible de nommer les lignes d'un data.frame mais le tableau GTF ne se prête pas à cela. Nous verrons d'autres exemples ultérieurement.

Sélection d'un sous-ensemble de lignes sur base du contenu d'une colonne

La fonction `subset()` permet de sélectionner un sous-ensemble des lignes d'un data.frame sur base d'une condition appliquée à une ou plusieurs colonnes.

Nous pouvons l'appliquer pour sélectionner le sous-ensemble des lignes du tableau d'annotations correspondant à des séquences codantes (CDS).

```
## Select subset of features having "cds" as "feature" attribute
cds <- subset(feature.table, feature=="cds")

nrow(feature.table) ## Count the number of features
```

```
[1] 43028
```

```
nrow(cds) ## Count the number of cds
```

```
[1] 0
```

Décompte par valeur

La fonction `table()` permet de compter le nombre d'occurrences de chaque valeur dans un vecteur ou un tableau. Quelques exemples d'utilisation ci-dessous.

```
## Count the number of features per chromosome
table(feature.table$seqname)
```

```
   I   II  III   IV   IX Mito    V   VI  VII VIII    X   XI  XII XIII XIV
759 2912 1210 5374 1567  327 2159  946 3856 2054 2617 2231 3789 3311 2774
   XV  XVI
3846 3296
```

```
## Count the number of features per type
table(feature.table$feature)
```

```
      CDS      exon      gene start_codon stop_codon transcript
7050      7872      7445       6700       6516       7445
```

On peut calculer des tables de contingence en comptant le nombre de combinaisons entre 2 vecteurs (ou 2 colonnes d'un tableau).

```
## Table with two vectors
table(feature.table$feature, feature.table$seqname)
```

```
      I   II  III   IV   IX Mito    V   VI  VII VIII    X   XI  XII XIII
CDS    122 492 194 895 255   59 345 151 619  346 422 361 615  544
exon    137 525 224 961 288   94 400 180 710  373 480 404 698  610
gene    132 494 213 914 274   62 383 167 676  349 458 388 658  573
start_codon 119 464 185 853 243   28 328 143 593  325 406 348 586  514
stop_codon 117 443 181 837 233   22 320 138 582  312 393 342 574  497
transcript 132 494 213 914 274   62 383 167 676  349 458 388 658  573
```

```
      XIV  XV XVI
CDS    458 623 549
exon    500 689 599
gene    475 665 564
start_codon 438 607 520
stop_codon 428 597 500
transcript 475 665 564
```

```
## Same result with a 2-column data frame
table(feature.table[, c("feature", "seqname")])
```

```
      seqname
feature   I   II  III   IV   IX Mito    V   VI  VII VIII    X   XI  XII XIII
CDS    122 492 194 895 255   59 345 151 619  346 422 361 615  544
exon    137 525 224 961 288   94 400 180 710  373 480 404 698  610
gene    132 494 213 914 274   62 383 167 676  349 458 388 658  573
start_codon 119 464 185 853 243   28 328 143 593  325 406 348 586  514
```


stop_codon	117	443	181	837	233	22	320	138	582	312	393	342	574	497
transcript	132	494	213	914	274	62	383	167	676	349	458	388	658	573

	seqname			
feature	XIV	XV	XVI	
CDS	458	623	549	
exon	500	689	599	
gene	475	665	564	
start_codon	438	607	520	
stop_codon	428	597	500	
transcript	475	665	564	

Exercices

1. Spécifications du format GTF

Lisez les spécifications du format GTF.

- Ensembl (<http://www.ensembl.org/info/website/upload/gff.html>)
- UCSC (<https://genome.ucsc.edu/FAQ/FAQformat.html#format4>)

2. Création d'un dossier local pour le TP

Créez un dossier local (par exemple: `stat1/TP_levure` à partir de la racine de votre compte). Nous vous suggérons d'utiliser les fonctions suivantes:

- `Sys.getenv("HOME")` (Linux et Mac OS X), pour obtenir la racine de votre compte utilisateur;
- `file.path()` pour construire un chemin;
- `dir.create()` pour créer le dossier de ce TP. Lisez attentivement les options de cette fonction avec `help(dir.create)`

3. Localisation du fichier d'annotations

Localisez le fichier d'annotations du génome de la levure en format GTF dans ce dossier local.

- Site Ensembl Fungi: <http://fungi.ensembl.org/>
- Cliquez "Downloads" pour accéder au site ftp
- Dans la boîte de recherche, tapez "*saccharomyces cerevisiae*" et suivez le lien "GTF"
- COpiez l'adresse (URL) du fichier *Saccharomyces_cerevisiae*.R64-1-1.37.gtf.gz

4. Téléchargement d'un fichier à partir d'un site ftp

Fonctions suggérées:

- `download.file()` (lisez l'aide pour connaître les arguments)

5. Chargement d'une table de données en R

Ecrivez un script qui charge la table de données dans une variable nommée `feature.table`, en utilisant la fonction R `read.delim()`.

Veillez à ignorer les lignes de commentaires (qui commencent par un caractère #).

6. Calcul de la longueur des gènes codants

- Ajoutez à la table d'annotations (`feature.table`) une colonne intitulée "length" qui indique la longueur de chaque élément génomique annoté.

```
## Add a colmn with feature lengths
feature.table[, "length"] <- feature.table[, "end"] - feature.table[, "start"] + 1

## Add a colmn with feature lengths: equivalent result with simpler notation
feature.table$length <- feature.table$end - feature.table$start + 1
```

- Comptez le nombre de lignes de la table correspondant à chaque type d’annotation (3ème colonne du GTF, “feature”).

– fonction `table()`

```
~table(feature.table$feature)
```

```
~table(feature.table$feature)
```

- Sélectionnez les lignes correspondant à des régions codantes (“CDS”)

– fonction `subset()`

```
cds <- subset(feature.table, feature=="CDS")
```

- Comptez le nombre de CDS par chromosome.

– fonction `table()`

```
table(cds$seqname)
```

I	II	III	IV	IX	Mito	V	VI	VII	VIII	X	XI	XII	XIII	XIV
122	492	194	895	255	59	345	151	619	346	422	361	615	544	458
XV	XVI													
623	549													

- Chargez la table des tailles de chromosomes `chrom_sizes.tsv`, et calculez la densité de gènes pour chaque chromosome (nombre de gènes par Mb).

```
## Download tab-delimited file with chromosome sizes (unless already there)
annot.url <- "http://jvanheld.github.io/stat1/data/Saccharomyces_cerevisiae/chrom_sizes.tsv"
chrom.size.file <- file.path(dir.tuto, "chrom_sizes.tsv")

if (!file.exists(chrom.size.file)) {
  download.file(annot.url, destfile = chrom.size.file)
}

## Read chromosome sizes
chrom.size <- read.delim(
  file = chrom.size.file,
  header = FALSE, row.names = 1)

## Assign a name to the columns
names(chrom.size) <- c("chromID", "size")
# View(chrom.size)

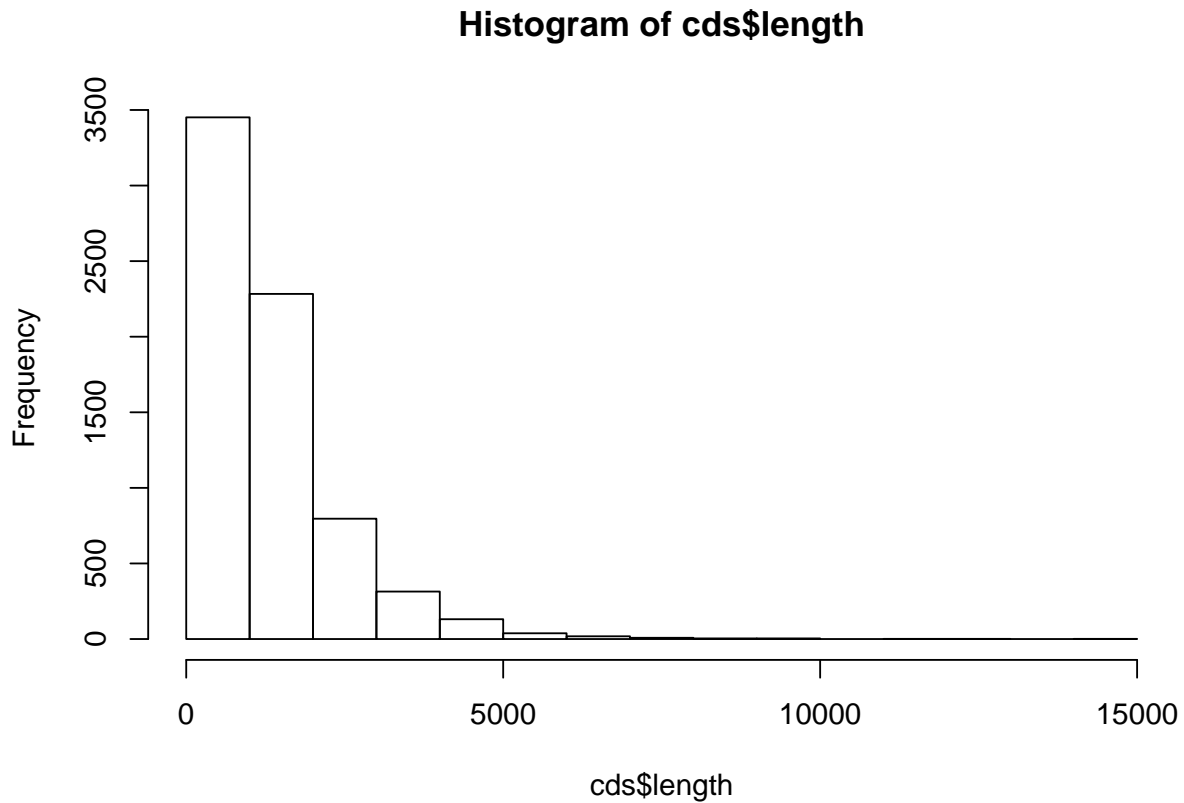
## print the size of hte third chromosome
chrom.size["III", "size"]
```

```
[1] 316617
```

6. Histogramme de la longueur des gènes

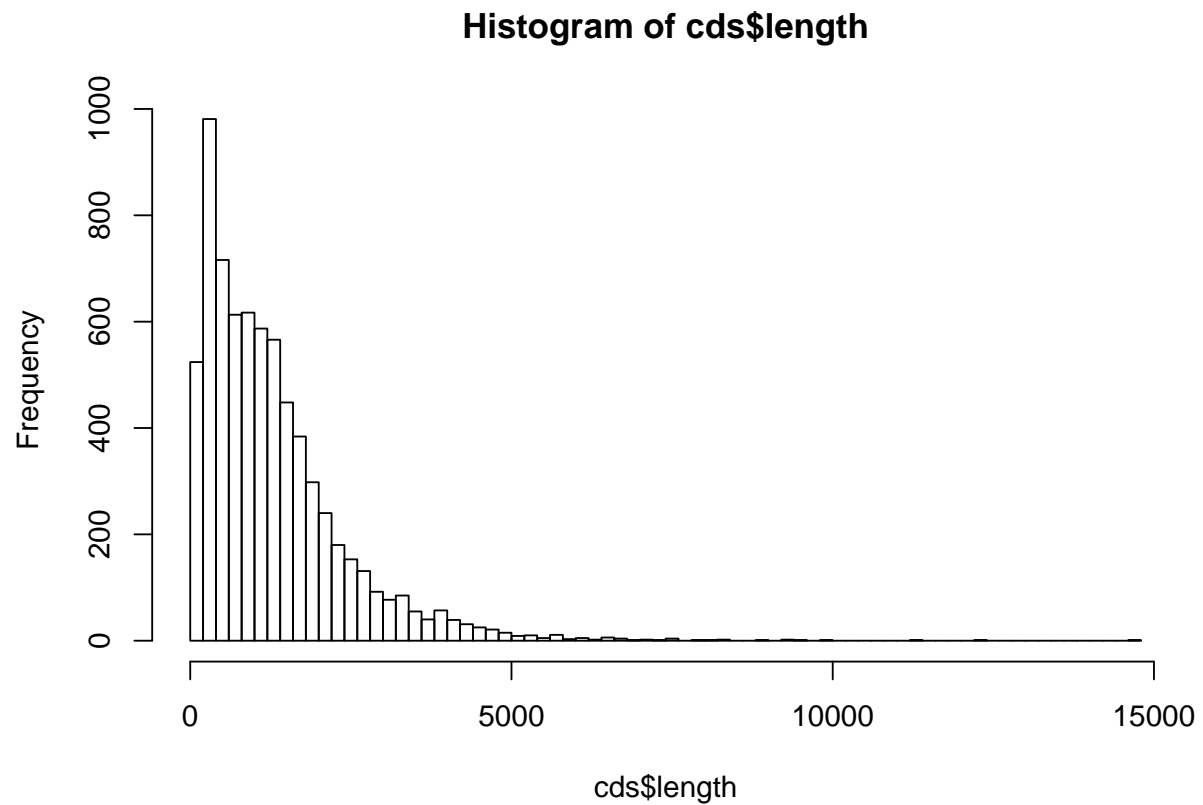
Au moyen de la fonction `hist()`, dessinez un histogramme représentant la distribution de longueur des CDS.

```
hist(cds$length)
```



Choisissez les intervalles de classe de façon à ce que l'histogramme soit informatif (ni trop ni trop peu de classes).

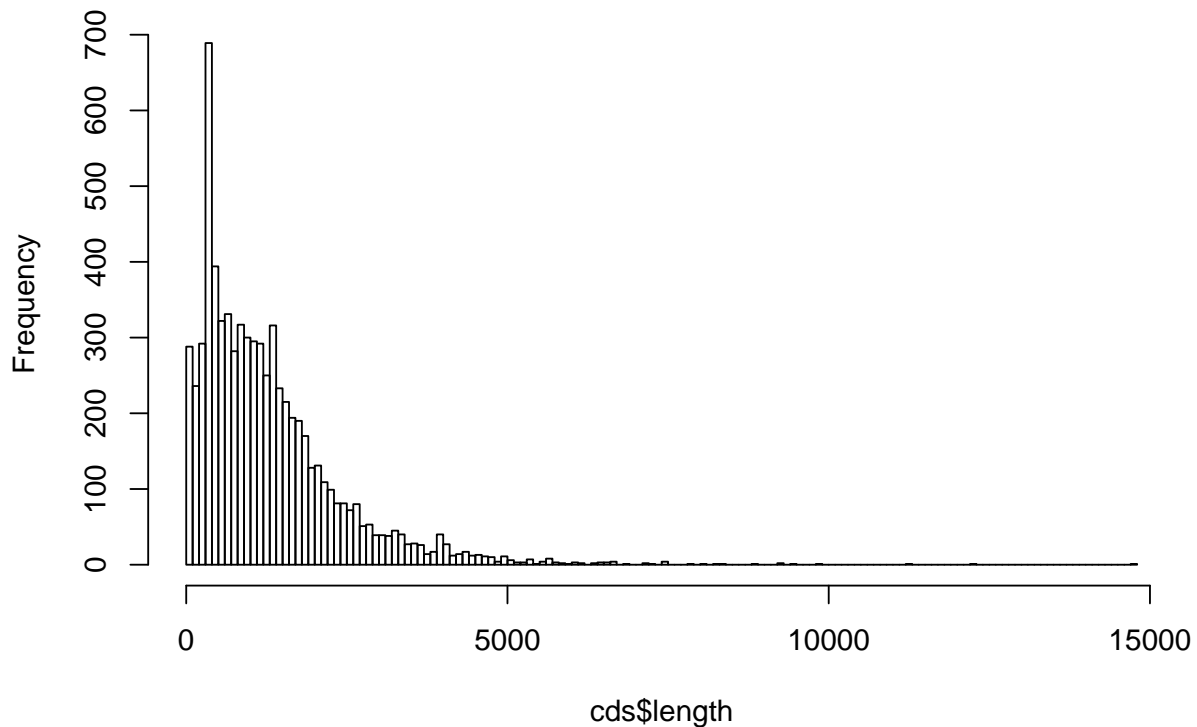
```
## Take more or less 100 bins  
h <- hist(cds$length, breaks=100)
```



Récupérez le résultat de `hist()` dans une variable nommée `cds.length.hist`.

```
## Define breaks exactly in the way you wish  
cds.length.hist <- hist(cds$length, breaks=seq(from=0, to=max(cds$length)+100, by=100))
```

Histogram of cds\$length



Imprimez le résultat à l'écran (`print()`) et analysez la structure de la variable `cds.length.hist` (il s'agit d'une variable de type liste).

Fonctions utiles:

```
## Display the values used to draw the histogram
print(cds.length.hist )
```

\$breaks

[1]	0	100	200	300	400	500	600	700	800	900	1000
[12]	1100	1200	1300	1400	1500	1600	1700	1800	1900	2000	2100
[23]	2200	2300	2400	2500	2600	2700	2800	2900	3000	3100	3200
[34]	3300	3400	3500	3600	3700	3800	3900	4000	4100	4200	4300
[45]	4400	4500	4600	4700	4800	4900	5000	5100	5200	5300	5400
[56]	5500	5600	5700	5800	5900	6000	6100	6200	6300	6400	6500
[67]	6600	6700	6800	6900	7000	7100	7200	7300	7400	7500	7600
[78]	7700	7800	7900	8000	8100	8200	8300	8400	8500	8600	8700
[89]	8800	8900	9000	9100	9200	9300	9400	9500	9600	9700	9800
[100]	9900	10000	10100	10200	10300	10400	10500	10600	10700	10800	10900
[111]	11000	11100	11200	11300	11400	11500	11600	11700	11800	11900	12000
[122]	12100	12200	12300	12400	12500	12600	12700	12800	12900	13000	13100
[133]	13200	13300	13400	13500	13600	13700	13800	13900	14000	14100	14200
[144]	14300	14400	14500	14600	14700	14800					

\$counts

[1]	288	236	292	689	394	322	331	282	317	300	295	292	250	316	233	215	194
[18]	190	170	128	131	109	99	81	81	72	80	51	53	39	39	38	45	40

[35]	27	28	26	14	17	40	27	12	14	17	12	13	11	10	4	11	6
[52]	3	3	7	1	4	8	3	2	1	3	2	0	2	3	3	4	0
[69]	1	0	0	2	1	0	4	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0
[86]	0	0	0	1	0	0	0	2	0	1	0	0	0	1	0	0	0
[103]	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
[120]	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
[137]	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1					

\$density

[1]	4.085106e-04	3.347518e-04	4.141844e-04	9.773050e-04	5.588652e-04												
[6]	4.567376e-04	4.695035e-04	4.000000e-04	4.496454e-04	4.255319e-04												
[11]	4.184397e-04	4.141844e-04	3.546099e-04	4.482270e-04	3.304965e-04												
[16]	3.049645e-04	2.751773e-04	2.695035e-04	2.411348e-04	1.815603e-04												
[21]	1.858156e-04	1.546099e-04	1.404255e-04	1.148936e-04	1.148936e-04												
[26]	1.021277e-04	1.134752e-04	7.234043e-05	7.517730e-05	5.531915e-05												
[31]	5.531915e-05	5.390071e-05	6.382979e-05	5.673759e-05	3.829787e-05												
[36]	3.971631e-05	3.687943e-05	1.985816e-05	2.411348e-05	5.673759e-05												
[41]	3.829787e-05	1.702128e-05	1.985816e-05	2.411348e-05	1.702128e-05												
[46]	1.843972e-05	1.560284e-05	1.418440e-05	5.673759e-06	1.560284e-05												
[51]	8.510638e-06	4.255319e-06	4.255319e-06	9.929078e-06	1.418440e-06												
[56]	5.673759e-06	1.134752e-05	4.255319e-06	2.836879e-06	1.418440e-06												
[61]	4.255319e-06	2.836879e-06	0.000000e+00	2.836879e-06	4.255319e-06												
[66]	4.255319e-06	5.673759e-06	0.000000e+00	1.418440e-06	0.000000e+00												
[71]	0.000000e+00	2.836879e-06	1.418440e-06	0.000000e+00	5.673759e-06												
[76]	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	1.418440e-06	0.000000e+00												
[81]	1.418440e-06	0.000000e+00	1.418440e-06	1.418440e-06	0.000000e+00												
[86]	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	1.418440e-06	0.000000e+00												
[91]	0.000000e+00	0.000000e+00	2.836879e-06	0.000000e+00	1.418440e-06												
[96]	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	1.418440e-06	0.000000e+00												
[101]	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00												
[106]	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00												
[111]	0.000000e+00	0.000000e+00	1.418440e-06	0.000000e+00	0.000000e+00												
[116]	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00												
[121]	0.000000e+00	0.000000e+00	1.418440e-06	0.000000e+00	0.000000e+00												
[126]	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00												
[131]	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00												
[136]	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00												
[141]	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00	0.000000e+00												
[146]	0.000000e+00	0.000000e+00	1.418440e-06														

\$mids

[1]	50	150	250	350	450	550	650	750	850	950	1050
[12]	1150	1250	1350	1450	1550	1650	1750	1850	1950	2050	2150
[23]	2250	2350	2450	2550	2650	2750	2850	2950	3050	3150	3250
[34]	3350	3450	3550	3650	3750	3850	3950	4050	4150	4250	4350
[45]	4450	4550	4650	4750	4850	4950	5050	5150	5250	5350	5450
[56]	5550	5650	5750	5850	5950	6050	6150	6250	6350	6450	6550
[67]	6650	6750	6850	6950	7050	7150	7250	7350	7450	7550	7650
[78]	7750	7850	7950	8050	8150	8250	8350	8450	8550	8650	8750
[89]	8850	8950	9050	9150	9250	9350	9450	9550	9650	9750	9850
[100]	9950	10050	10150	10250	10350	10450	10550	10650	10750	10850	10950
[111]	11050	11150	11250	11350	11450	11550	11650	11750	11850	11950	12050
[122]	12150	12250	12350	12450	12550	12650	12750	12850	12950	13050	13150
[133]	13250	13350	13450	13550	13650	13750	13850	13950	14050	14150	14250

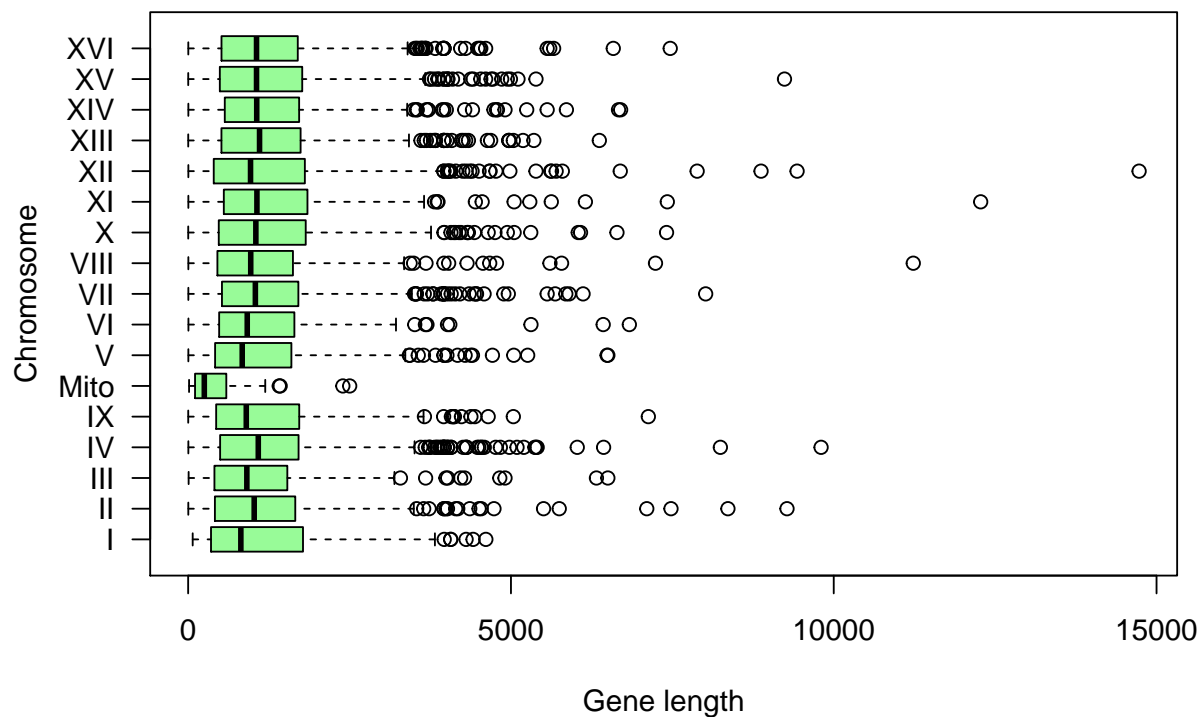


Figure 2: Boîte à moustache indiquant la distribution de longueur des gènes par chromosome.

```
[144] 14350 14450 14550 14650 14750
```

```
$xname
```

```
[1] "cds$length"
```

```
$equidist
```

```
[1] TRUE
```

```
attr("class")
```

```
[1] "histogram"
```

- `class(cds.length.hist)`
- `attributes(cds.length.hist)`

D'autres types de graphiques permettent d'explorer la distribution d'un ensemble des données. En particulier, les boîtes à moustaches (box plots) affichent, pour une série de données, la médiane, l'écart interquartile, un intervalle de confiance et les valeurs aberrantes.

```
boxplot(length ~ seqname, data = cds, col="palegreen", horizontal=TRUE, las=1, xlab="Gene length", ylab="seqname")
```

7. Paramètres descriptifs

Calculez les paramètres de tendance centrale (moyenne, médiane, mode) et de dispersion (variance, écart-type, écart inter-quartile)

- pour les gènes du chromosome III;
- pour l'ensemble des gènes de la levure.

```
x <- subset(cds, seqname == "III", select = "length")
dim(x)
```

```
[1] 194  1
```

```
class(x) ## Ah ah, this is not a vector but a data.frame
```

```
[1] "data.frame"
```

```
## Convert the data frame into a vector
x <- unlist(x)
class(x)
```

```
[1] "numeric"
```

```
head(x)
```

```
length1 length2 length3 length4 length5 length6
      741    1845    1374     780     630     525
```

```
## Compute the mean, either manually or with the ad hoc R function
n <- length(x)
print(paste("Chromosome III contains", n, "CDS"))
```

```
[1] "Chromosome III contains 194 CDS"
```

```
message("Chromosome III contains ", n, " CDS")
```

```
m <- mean(x)
print(m)
```

```
[1] 1169.521
```

```
message("mean(x) = ", round(m, digits = 1))
```

```
## Compute the mean manually to compare the result
```

```
m.recalc <- sum(x)/n
```

```
message("Manually computed sample mean: ", round(digits=1, m.recalc))
```

```
## Compute manually standard dev of the sample
```

```
sample.var <- sum((x - m)^2) / n
```

```
sample.sd <- sqrt(sample.var)
```

```
message("Sample standard dev =", round(digits=1, sample.sd))
```

```
## Compute an estimate of the population standard deviation
```

```
pop.sd.est <- sqrt(sum((x - m)^2) / (n-1))
```

```
message("Sample-based estimate of population standard dev =", round(digits=1, pop.sd.est))
```

```
## Compute the standard deviation with R function sd()
```

```
R.sd <- sd(x)
```

```
message("Result of R sd() function =", round(digits=1, R.sd))
```

Ah ah! (skeptical tone) The R function `sd()` does **not** compute the standard deviation of the input numbers (s), but the **estimate of the standard deviation of the population** ($\hat{\sigma}$)

Affichez ces paramètres sur l'histogramme de la longueur des gènes, en utilisant la fonction `arrows()`

8. Intervalle de confiance

A partir des gènes du chromosome III (considérés comme l'échantillon disponible en 1992), calculez un intervalle de confiance autour de la moyenne, et formulez l'interprétation de cet intervalle de confiance. Évaluez ensuite si cet intervalle de confiance recouvrait ou non la moyenne de la population (tous les gènes du génome de la levure, qui devint disponible 4 ans après le chromosome III).

$$\bar{x} \pm \frac{\hat{\sigma}}{\sqrt{n}} \cdot t_{1-\alpha/2}^{n-1}$$

```
## Define alpha, the risk
alpha <- 0.05

## Let us get the critical value for the t distribution
help("TDist")

## Which value corresponds to alpha/2

## Beware ! by default the qt() function return the lower tail
qt(p = alpha/2, df = n - 1)
```

```
[1] -1.972332
```

```
## For confidence intervals we need a positive t value, we thus take the upper tail
t.value <- qt(p = alpha/2, df = n - 1, lower.tail = FALSE)

IC.min <- m - pop.sd.est * t.value /sqrt(n)
IC.max <- m + pop.sd.est * t.value /sqrt(n)

message("Confidence interval: [",
        round(digits=1, IC.min),
        ", ",
        round(digits=1, IC.max), "]" )
```

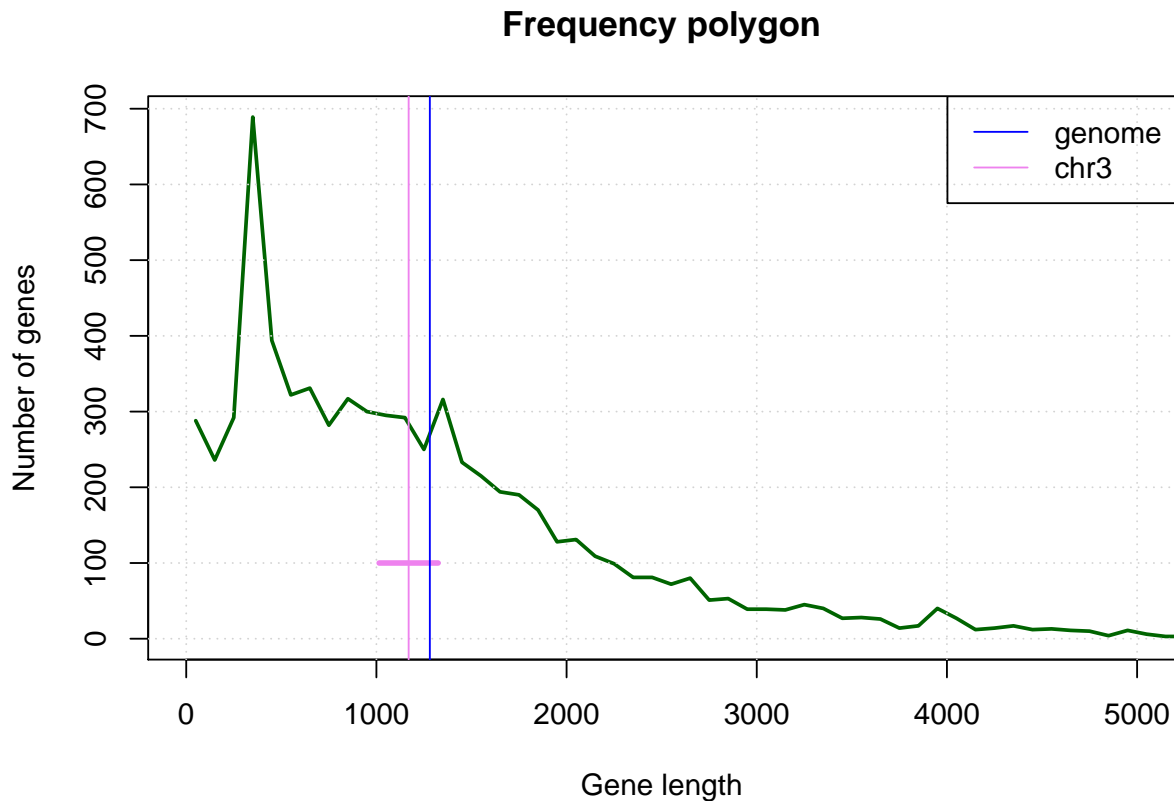
Dessinez un polygone des fréquences indiquant le nombre de gènes par classe (milieux de classe).

```
## Draw a frequency polygon
plot(cds.length.hist $mids, cds.length.hist $counts,
     main="Frequency polygon",
     xlab="Gene length", ylab="Number of genes",
     type="l", col="darkgreen", lwd=2, xlim=c(0, 5000))
grid()

arrows(x0 = IC.min, y0 = 100, x1 = IC.max, y1=100, length = 0, angle = 00, col="violet", lwd=3)
abline(v = m, col="violet")

pop.mean <- mean(cds$length)
abline(v = pop.mean, col="blue")

legend("topright", legend = c("genome", "chr3"), col = c("blue", "violet"), lwd=1)
```



9. Distribution de la longueur des gènes

- A partir du résultat de `hist()`, récupérez un tableau (dans une variable de type `data.frame`) indiquant les fréquences absolues (`count`) en fonction de la taille médiane des classes (`mids`),
- Ajoutez à ce tableau une colonne indiquant la fréquence relative de chaque classe de longueurs de gènes.
- Ajoutez à ce tableau des colonnes indiquant la **fonction de répartition empirique** des longueurs de gènes (nombre de gènes d’une taille inférieure ou égale à chaque valeur x observée, et fréquence relative de ce nombre).
 - fonction de base: `cumsum()`
 - fonction avancée: `ecdf()`
- Au moyen des fonctions `plot()` et `lines()`, dessinez un graphe représentant la fréquence absolue par classe (médianes de classes en X , comptages en Y), et la fonction de répartition empirique.
 - suggestion: superposez les utilisez le type de lignes “h” pour les fréquences de classe, et “l” ou “s” pour la fonction de répartition.

10. Distribution attendue au hasard pour la longueur des gènes

Sur base de la taille du génome (12.156.679 bp) et des fréquences génomiques de codons définies ci-dessous, calculez la distribution de longueurs de gènes attendue au hasard, et ajoutez-là au graphique.

Vous pouvez télécharger les fréquences génomiques de tous les trinuécléotides ici: `3nt_genomic_Saccharomyces_cerevisiae-ovlp-1str.tab`

Alternative: créez une variable `freq.3nt` et assignez-y manuellement les valeurs pour les 4 nucléotides nécessaires, à partir de la table ci-dessous.

sequence	frequency	occurrences
AAA	0.0394	478708
ATG	0.0183	221902
TAA	0.0224	272041
TAG	0.0129	156668
TGA	0.0201	244627

11. Avant de terminer : conservez la trace de votre session

La traçabilité constitue un enjeu essentiel en sciences. La fonction `R sessionInfo()` fournit un résumé des conditions d'une session de travail: version de R, système opérateur, bibliothèques de fonctions utilisées.

```
sessionInfo()
```

```
R version 3.6.1 (2019-07-05)
```

```
Platform: x86_64-apple-darwin15.6.0 (64-bit)
```

```
Running under: macOS Mojave 10.14.6
```

```
Matrix products: default
```

```
BLAS: /Library/Frameworks/R.framework/Versions/3.6/Resources/lib/libRblas.0.dylib
```

```
LAPACK: /Library/Frameworks/R.framework/Versions/3.6/Resources/lib/libRlapack.dylib
```

```
locale:
```

```
[1] en_US.UTF-8/en_US.UTF-8/en_US.UTF-8/C/en_US.UTF-8/en_US.UTF-8
```

```
attached base packages:
```

```
[1] stats      graphics  grDevices  utils      datasets  methods    base
```

```
other attached packages:
```

```
[1] knitr_1.23
```

```
loaded via a namespace (and not attached):
```

```
[1] compiler_3.6.1  magrittr_1.5    tools_3.6.1     htmltools_0.3.6
```

```
[5] yaml_2.2.0      Rcpp_1.0.2      stringi_1.4.3   rmarkdown_1.14
```

```
[9] highr_0.8       stringr_1.4.0   xfun_0.8        digest_0.6.20
```

```
[13] evaluate_0.14
```