

11.05 test

Imane Ez-Zammoury

11/05/2021

Setup

```
library(tidyverse)
library(dplyr)
library(SummarizedExperiment)
library(rWSBIM1322)
library(ggplot2)
se <- readRDS("se(3).rds")
```

Question Moodle

On vous demande dans un premier temps de choisir l'expression, arrondie à 3 chiffres significatifs, du 1er gène dans le 1er échantillon de votre jeu de données

```
a <- assay(se)
r <- rowData(se)
c <- colData(se)
x <- a[1,1]
x
```

```
## [1] 7.523087
```

Établissement de figure

L'on vous demande de transformer les données et de générer une figure similaire à celle ci-dessous pour les 8 gènes de votre jeu de données, de l'interpréter et d'identifier le gène qui semble être affecté par le composé étudié, en motivant votre choix.

```
aT <- as_tibble(a)
rT <- as_tibble(r)
cT <- as_tibble(c)

aT <- aT %>% mutate(gene = rT$gene)
fj <- full_join(aT, rT)
```

```
## Joining, by = "gene"
```

```
longer <- fj %>% pivot_longer(cols = c("CTRL0_1", "CTRL0_2",
                                         "CTRL0_3", "CTRL0_4",
                                         "CTRL0_5", "CTRL0_6",
```

```

      "CTRL0_7", "CTRL0_8",
      "DRUG1_1", "DRUG1_2",
      "DRUG1_3", "DRUG1_4",
      "DRUG1_5", "DRUG1_6",
      "DRUG1_7", "DRUG1_8",
      "DRUG5_1", "DRUG5_2",
      "DRUG5_3", "DRUG5_4",
      "DRUG5_5", "DRUG5_6",
      "DRUG5_7", "DRUG5_8"),
    names_to = "samples",
    values_to = "expression")
fj <- full_join(longer, cT)

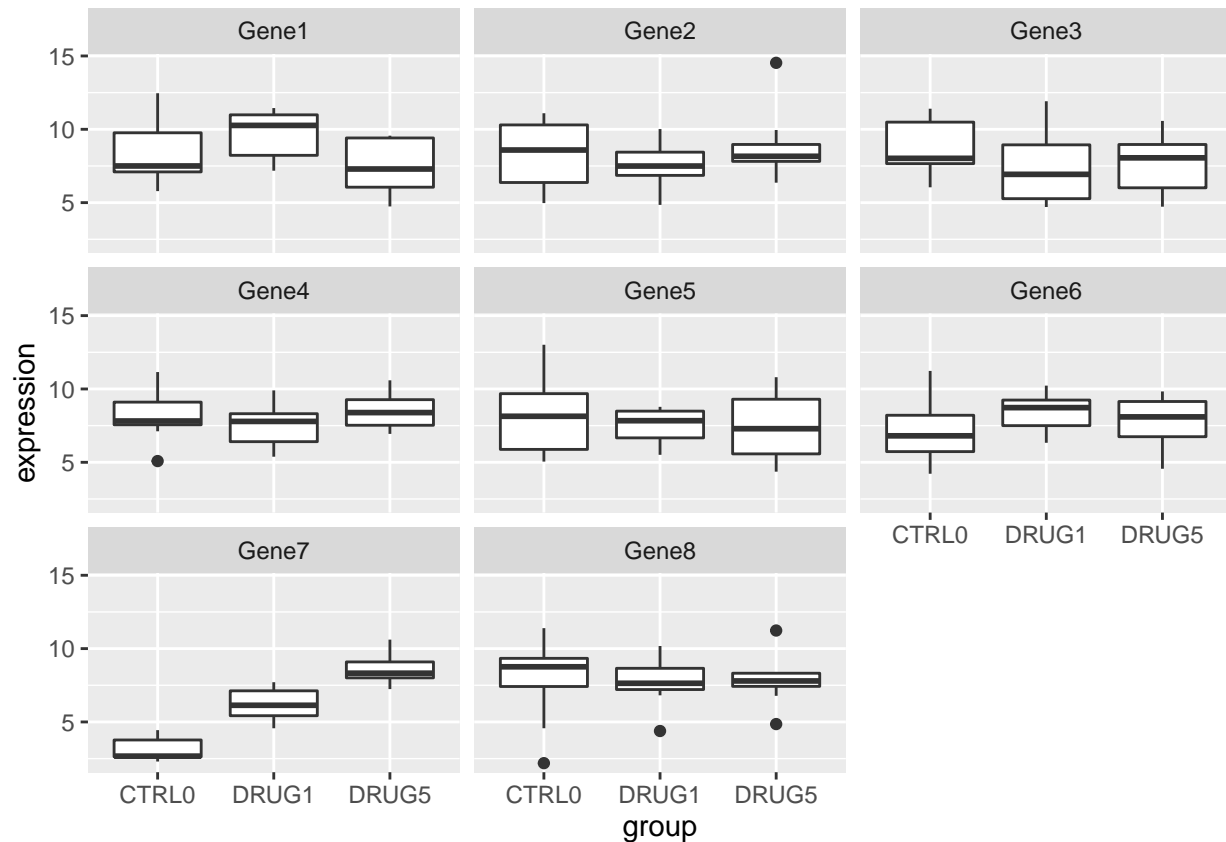
```

```
## Joining, by = "samples"
```

```

ggplot(fj, aes(x = group, y = expression)) +
  geom_boxplot() + facet_wrap("gene")

```



On voit que l'expression du gène 7 change considérablement lorsqu'on utilise le traitement aux 2 concentrations. Pour les autres gènes, l'expression remain +/- the same entre les différentes concentrations.