demoR15

Gène X94991

```
library(ape)                                          # chargement de la librairie
geneX <- read.GenBank("X94991.1",as.character=TRUE) # lecture du gène demandé
cnt <- table(geneX)                                   # comptages par type de nucléotide
print( cnt )                                          # affichage
```

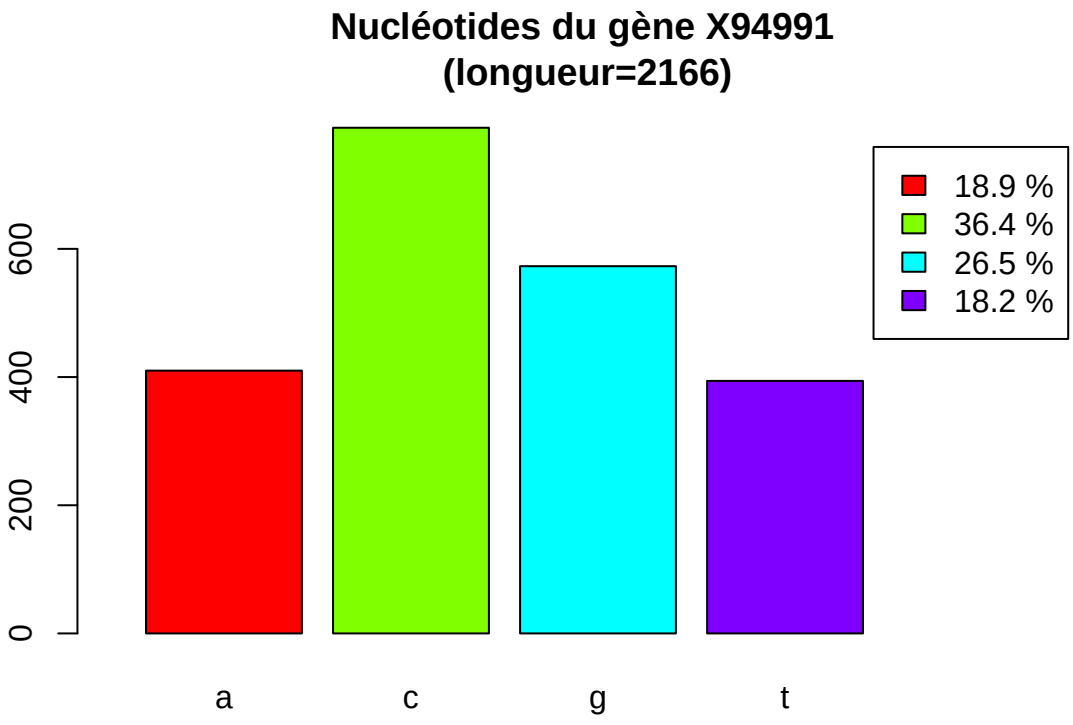
```
## geneX
##   a   c   g   t
## 410 789 573 394
```

```
print( cnt )                                          # affichage
```

```
## geneX
##   a   c   g   t
## 410 789 573 394
```

Histogramme des fréquences

```
##   Nucléotides Comptages Proportions Pourcentages
## 1           a       410   0.1892890       18.9 %
## 2           c       789   0.3642659       36.4 %
## 3           g       573   0.2645429       26.5 %
## 4           t       394   0.1819021       18.2 %
```



Avec les fonc-

tions (gH)

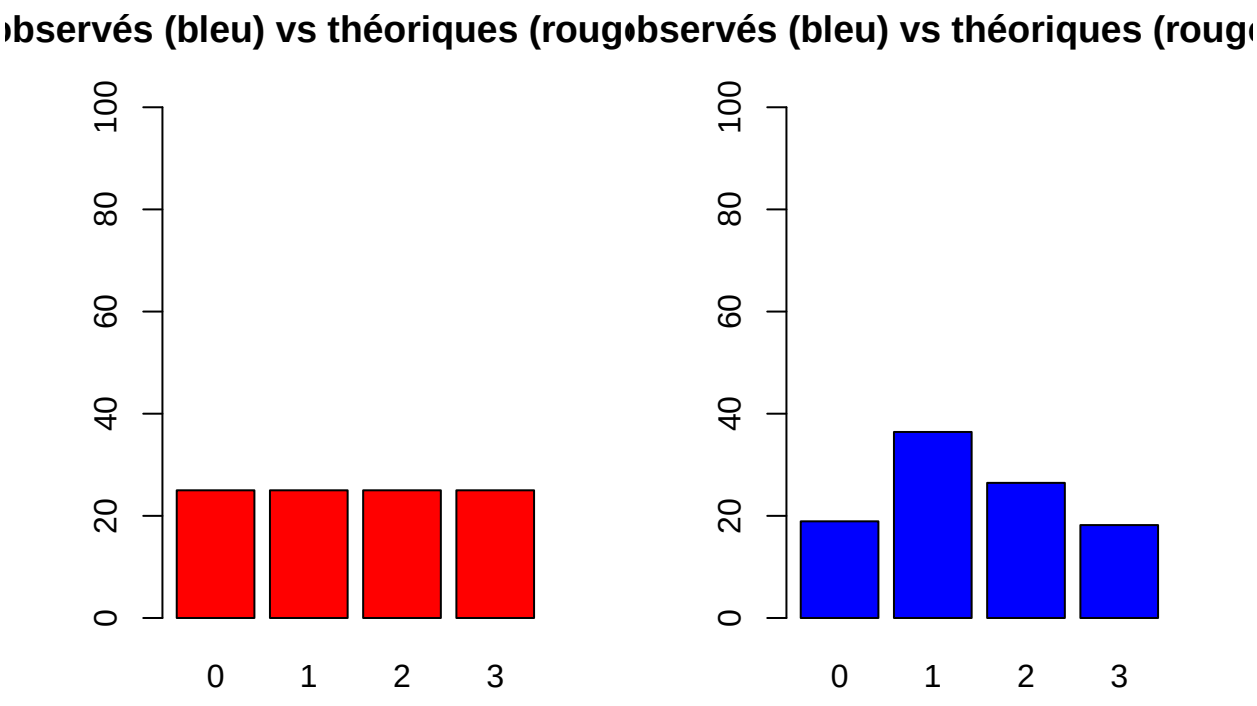
```
##
##
##  (gH) version  5.17
##
## fonctions d'aides : lit() fqt() fql() ic() fapprox() chi2() fcomp() datagh()
## taper aide() pour revoir cette liste
```

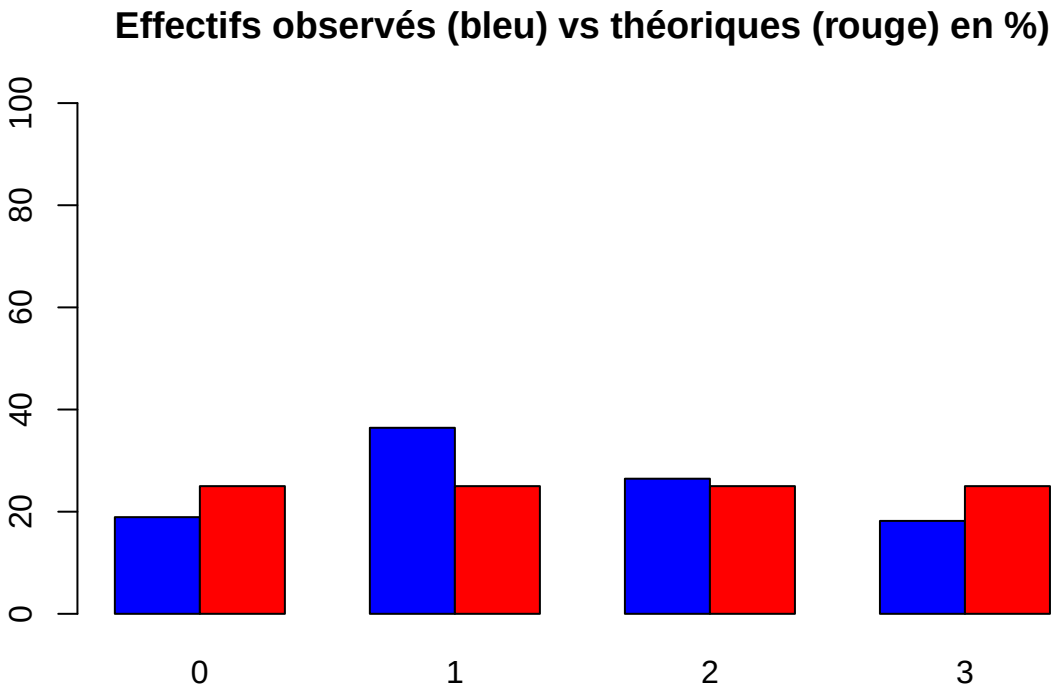
```
# réalisation du chi-deux et explications en français

# il s'agit ici du chi-deux d'adéquation à une distribution théorique
# (de même effectif global) soit ici la loi uniforme discrète,
# autrement dit, la loi sous hypothèse d'équirépartition

chi2Adeq(vth=rep(length(geneX[[1]])/4,4),vobs=tap,graph=TRUE)
```

```
##
##  CALCUL DU CHI-DEUX D'ADEQUATION
##
##  Valeurs théoriques   541.5 541.5 541.5 541.5
##  Valeurs observées    410 789 573 394
##  Valeur du chi-deux   187.0674
##
##  Chi-deux max (table) à 5 %  7.814728 pour   3  degrés de liberté ; p-value  2.62465e-40
##
##  décision : au seuil de  5 % on peut rejeter l'hypothèse
##  que les données observées correspondent aux valeurs théoriques.
```




Effectifs observés (bleu) vs théoriques (rouge) en %)
0
20
40
60
80
100
0
1
2
3