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

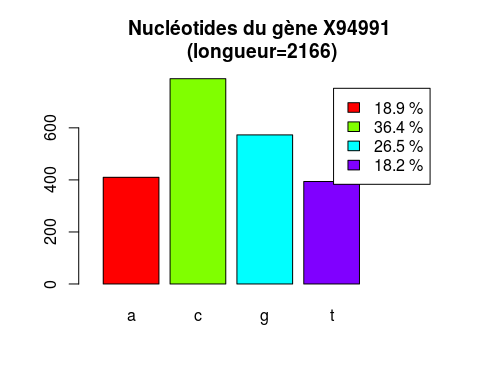
## geneX  
## a c g t   
## 410 789 573 394

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 fonctions (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.

