

A photograph of a modern building with a glass facade and a courtyard. The building has a white brick wall on the left and a glass facade on the right. The courtyard is paved and has a black metal pergola structure. There are green plants in the courtyard. The sky is blue with a few white clouds. The text 'gggenes et trackViewer' is overlaid on the image.

# gggenes et trackViewer

Vincent Guillemot  
Mardi 25 mai 2021

World Partner

OMICS

# Avant toutes choses

Nous aurons besoin des packages `gggenes` et `trackViewer` :

- Vérifier que les packages `gggenes` et `trackViewer` sont bien installés
- Si non, les installer, puis les charger

Attention ! Vous trouverez `gggenes` sur le [CRAN](#) et `trackViewer` sur [Bioconductor](#) !

```
library(gggenes)  
library(trackViewer)
```

**gggenes**

# Le package

1. Installer le package : `install.packages("gggenes")`
2. Charger le package : `library(gggenes)`
3. Consulter l'aide : `?gggenes`
4. Consulter la vignette : `vignette("introduction-to-gggenes",  
package = "gggenes")`

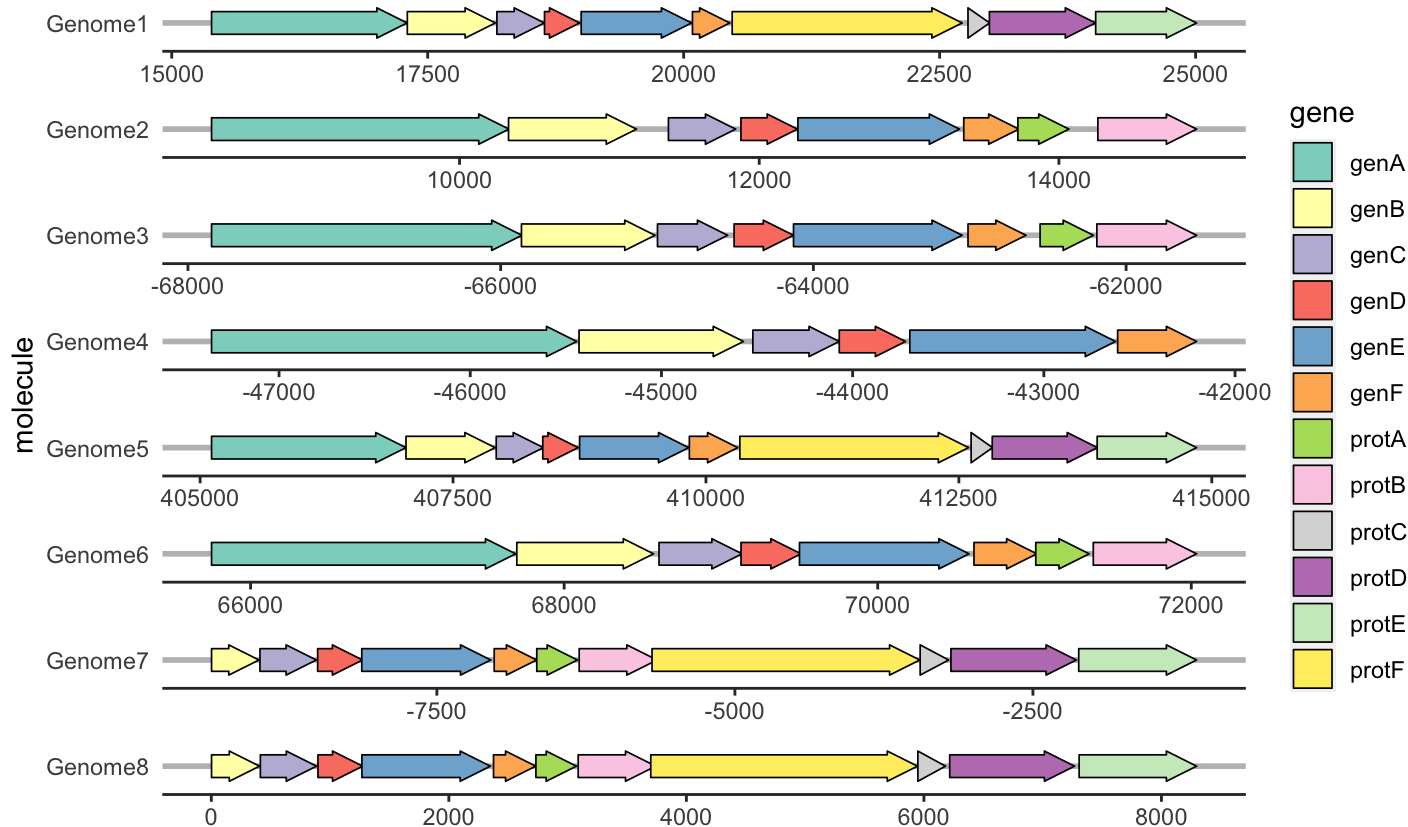
# Les données d'exemple

```
head(example_genes)
#>   molecule gene  start    end  strand orientation
#> 1  Genome5 genA 405113 407035 forward         -1
#> 2  Genome5 genB 407035 407916 forward         -1
#> 3  Genome5 genC 407927 408394 forward         -1
#> 4  Genome5 genD 408387 408737 reverse         -1
#> 5  Genome5 genE 408751 409830 forward          1
#> 6  Genome5 genF 409836 410315 forward         -1
```

# Représenter des “gènes” le long d’un génome

```
ggplot(example_genes,  
       aes(xmin = start,  
          xmax = end,  
          y = molecule,  
          fill = gene)) +  
geom_gene_arrow() +  
facet_wrap( ~ molecule,  
          scales = "free",  
          ncol = 1) +  
scale_fill_brewer(palette = "Set3") +  
theme_genes()
```

# Représenter des "gènes" le long d'un génome



**trackViewer**



# Le package

1. Installer le package : `BiocManager::install("trackViewer")`
2. Charger le package : `library(trackViewer)`
3. Consulter l'aide : `?trackViewer`
4. Consulter la-les vignette-s : `browseVignettes("trackViewer")`
5. Faire attention aux mises à jour !

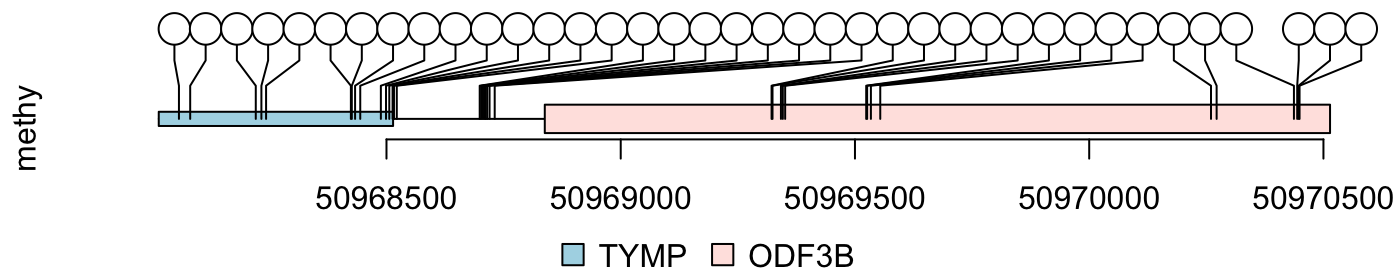
# Exemple

Pour les besoins de l'exemple, j'ai sauvegardé des données de méthylation dans le package du cours. On peut les charger comme ceci :

```
data("methy", package = "tidyViz")  
data("features", package = "tidyViz")  
data("gr", package = "tidyViz")
```

# Représenter des sites de méthylation

```
lollipop(methy, features, ranges=gr)
```



# Représenter des sites de méthylation

```
dandelion.plot(methy, features, ranges=gr)
```

