**DU BII, module 3, statistiques et R**

**Compte-rendu Clustering**

Voici une heatmap obtenue à partir des données RNAseq traitées en TP.

Nous vous demandons d’y ajouter une légende et de la commenter en quelques lignes.



le code ayant permis d’afficher cette heatmap pour un nombre restreints (2000) de gènes choisis au hasard.

num.genes <- sample.int(nrow(BIC.expr), 2000)

# les couleurs de la matrice

ma.palette <- colorRampPalette(c("red", "black", "green"))

expr.colors <- ma.palette(10000)

# le dendrogramme est calculé en amont à l'aide de la fonction hclust,

# avec la bonne "distance" et le bon "critère d'aggrégation"

col\_dend = as.dendrogram(hclust(BIC.dist, method = "ward.D2"))

# les annotations pour les tumeurs (ici, les colonnes)

classes <- unique(BIC.sample.classes$cancer.type)

type.cancer.colors <- rainbow(n = length(classes))

names(type.cancer.colors) <- classes

classes <- unique(BIC.sample.classes$ER1)

ER1.colors <- rainbow(n = length(classes))

names(ER1.colors) <- classes

classes <- unique(BIC.sample.classes$PR1)

PR1.colors <- heat.colors(n = length(classes))

names(PR1.colors) <- classes

classes <- unique(BIC.sample.classes$Her2)

Her2.colors <- topo.colors(n = length(classes))

names(Her2.colors) <- classes

annot.tumeur.column = HeatmapAnnotation(df = BIC.sample.classes,

col = list(cancer.type = type.cancer.colors,

ER1 = ER1.colors, PR1 = PR1.colors,

Her2 = Her2.colors)

)

# la heatmap

ma.heatmap <- ComplexHeatmap::Heatmap(as.matrix(BIC.expr[num.genes, ]), name = "heatmap.epxr", col = expr.colors,

column\_title = "les tumeurs",

row\_title = "les gènes",

cluster\_columns = col\_dend,

show\_column\_names = FALSE, show\_row\_names = FALSE,

bottom\_annotation = annot.tumeur.column

)

draw(ma.heatmap)