

R语言零基础基因/数据差异分析-热图分析（四）

于 2021-07-16 14:25:34 发布

编辑



R语言零基础基因/数... 专栏收录该内容

5 篇文章

摘要 该博客介绍了如何利用R语言的pheatmap库来绘制基因表达数据的热图。文章详细阐述了数据预处理、选择关键基因以及绘制热图的具体步骤，包括设置颜色梯度、自定义标题和行标签等。读者可以通过文中代码示例加载自己的数据文件，生成个性化的热图。

文章目录

[结果展示](#)

[需要的数据结构](#)

[绘制方法](#)

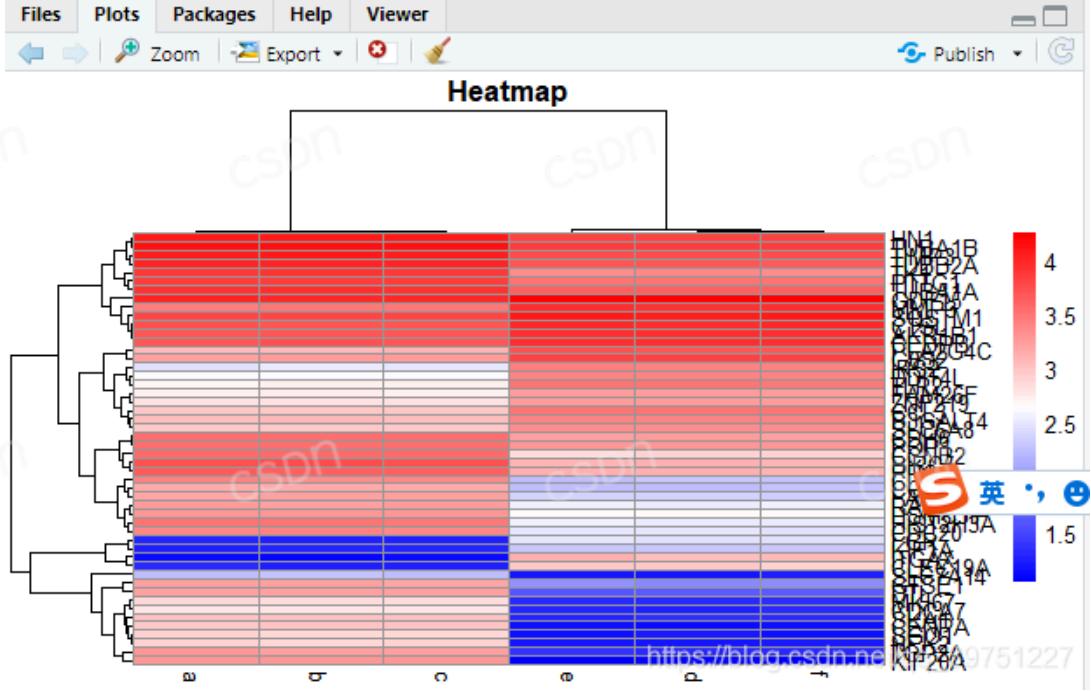
结果展示

内容来源: csdn.net

作者昵称: Frms

原文链接: https://blog.csdn.net/qq_39751227/article/details/118796125

作者主页: https://blog.csdn.net/qq_39751227



需要的数据结构

Q:这个表哪里来的?

A:他来自我的教程第一章开头介绍的，只不过把第一行改成了Symbol, a, b, c...

rt - Excel(产品激活失败)

登录 | 共享

文件 开始 插入 页面布局 公式 数据 审阅 视图 帮助 特色功能 团队 百度网盘 操作说明搜索

A1 : X ✓ f_x Symbol

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
1	Symbol	a	b	c	d	e	f											
2	DDIT4L	5.189554	5.166399	5.162764	9.476638	9.561713	9.512425											
3	TIMP3	15.51347	15.59664	15.47805	12.4613	12.4127	12.45316											
4	ITGAX	1.189546	1.125264	1.136327	7.263566	7.634708	7.285335											
5	HN1	15.6684	15.72293	15.74687	13.1666	13.08618	13.03166											
6	HIST2H3A	10.29785	10.41249	10.1741	4.785649	4.81737	4.729214											
7	FAM26F	5.635915	5.677344	5.632317	8.494154	8.488759	8.460845											
8	BIRC5	12.26859	12.39597	12.2987	7.636964	7.55965	7.446163											
9	SGO1	6.57933	6.279489	6.37493	1.308386	1.211293	1.22595											
10	SKA1	7.033141	6.932989	6.937891	1.512094	1.406814	1.447921											
11	FGR	1.39244	1.346083	1.342406	4.480162	4.648155	4.494229											
12	TOP2A	8.627117	8.234101	8.236697	1.439627	1.57177	1.475588											
13	TUBB2A	15.01276	15.01996	15.07016	11.83484	11.85165	11.77575											
14	CCNA2	7.87398	7.831402	7.909875	3.708821	3.675127	3.816952											
15	KIF1A	1.383443	1.415543	1.429273	3.960121	3.962302	3.95342											
16	CDC20	9.29756	9.540859	9.376838	4.669279	4.570354	4.530857											
17	CLEC19A	1.437051	1.358883	1.360391	6.735737	6.886036	6.584637											
18	AKR1B1	11.88324	11.97365	11.94756	14.26524	14.36485	14.3359											
19	CDK1	9.591821	9.233618	9.43451	3.900492	3.684372	3.8617											
20	CENPA	6.85675	6.987916	7.060403	1.160195	1.217778	1.19736											
21	CTSL	12.00576	11.98731	11.94449	14.45913	14.57255	14.57327											
22	MKI67	6.266044	6.149833	6.223545	1.477077	1.449628	1.510879											
23	MMP3	9.871819	9.939413	10.07063	13.93361	14.10579	14.11545											
24	NEK2	6.540465	6.360753	6.455769	1.241525	1.280276	1.307417											
25	CCL3	6.81686	6.805133	6.762835	10.38775	10.30204	10.3615											
26	TK1	13.72215	13.82512	13.79475	9.424896	9.271586	9.143467											
27	TLR2	5.407519	5.560751	5.494909	10.22741	10.2428	10.12108											
28	RAD54L	8.477792	8.421461	8.448584	4.760022	4.938046	4.88229											
29	PLA2G4C	7.310864	7.372232	7.462638	12.00074	12.05217	11.95023											

看过上一篇文章后，你需要自己整理好数据，这里我筛选出所需基因排序。

绘制方法

请仔细阅读代码，并修改部分你需要改的数据

```
r
library(pheatmap)
1
2
3
```

内容来源: csdn.net 键获取完整项目代码 | 复制

作者昵称: Frms

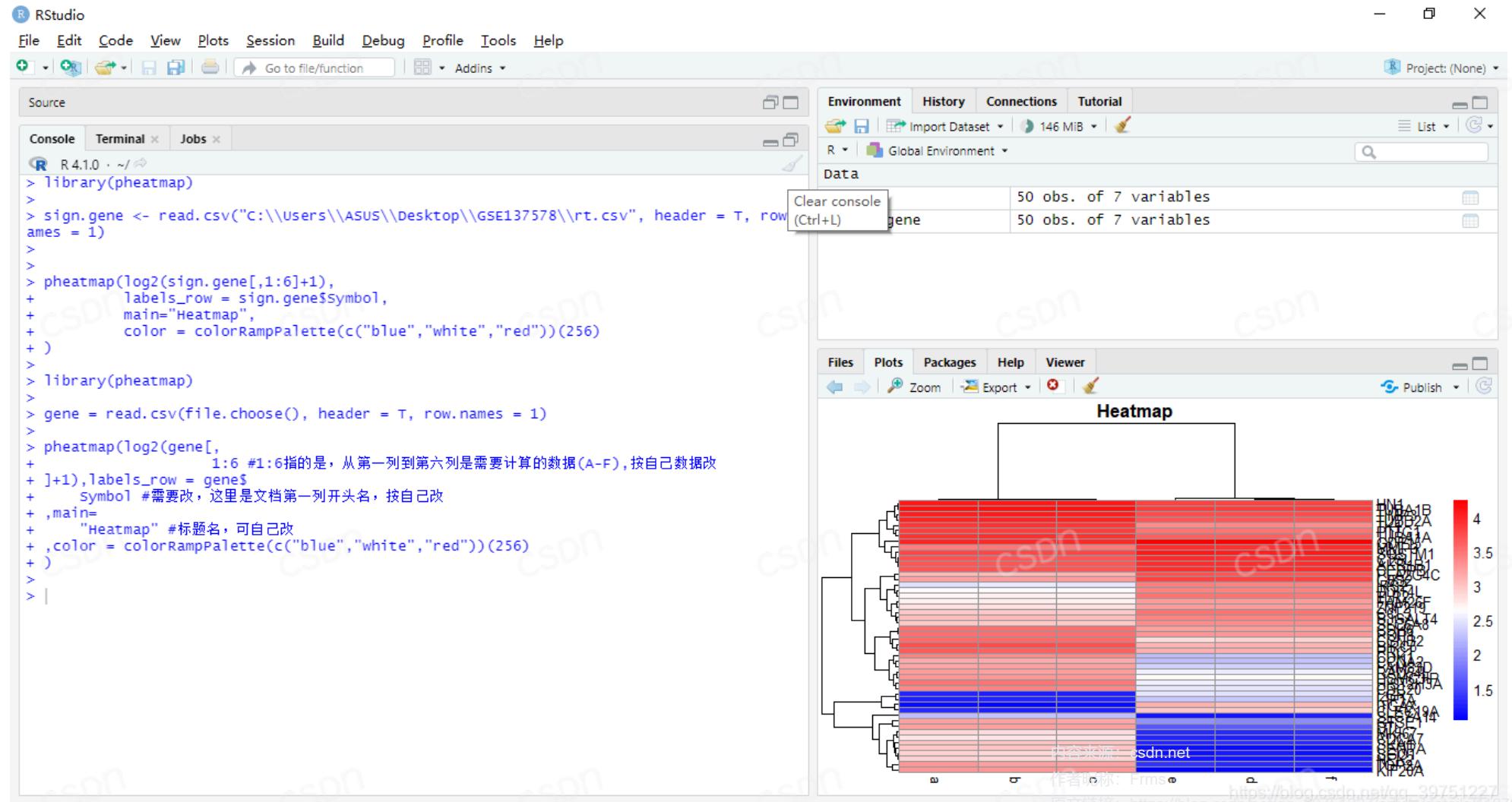
原文地址: https://blog.csdn.net/qq_39751227/article/details/118798125

作者主页: https://blog.csdn.net/qq_39751227

```
4 gene = read.csv(file.choose(), header = T, row.names = 1)
5
6 pheatmap(log2(gene[,  
7     1:6 #1:6指的是，我的数据是从第一列到第六列是需要计算的数据(B-G),Excel是从第0列开始数的,请按自己数据改  
8     ]+1),labels_row = gene$  
9     Symbol #需要改，这里是文档第一列开头名，按自己改  
10    ,main=
```

展开 ▾

输入后回车，选择你的数据文件即可



原文链接: https://blog.csdn.net/qq_39751227/article/details/1096125

作者主页: https://blog.csdn.net/qq_39751227

