

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

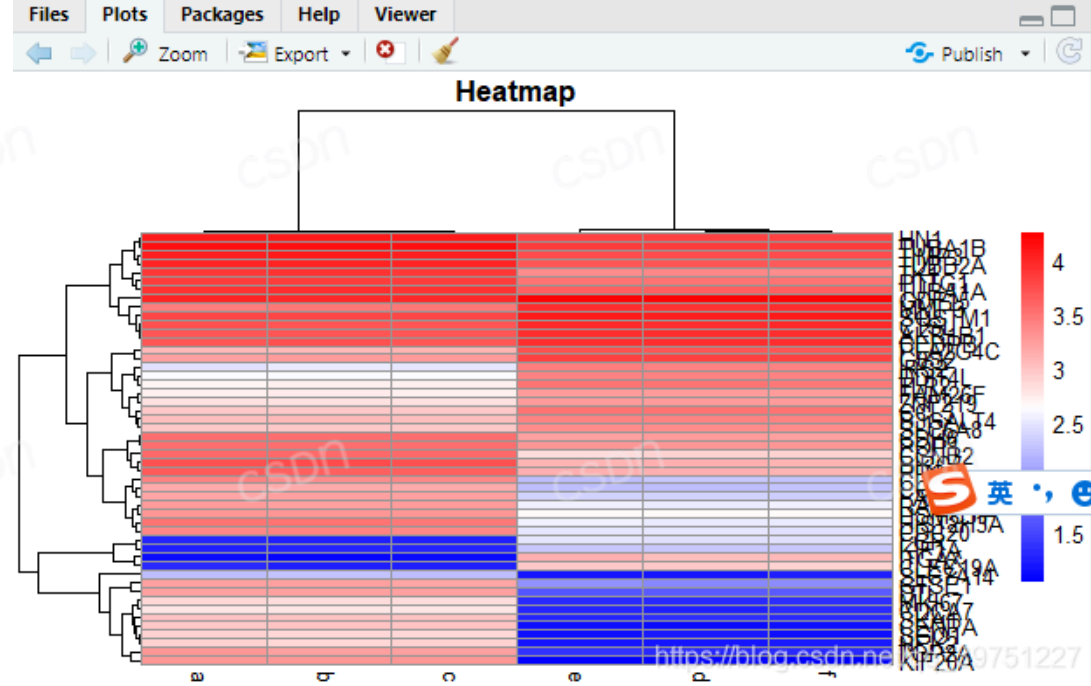
结果展示

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...

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


```

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

