

INFORME DEL LABORATORIO DIRIGIDO N°9

Lista de comandos empleados para el analisis del fichero diauxic.txt:

1. Lo primero que se hace es guardar toda la información del fichero diauxic.txt en la variable MiTabla para su posterior tratamiento:

```
MiTabla=read.csv("diauxic.txt", sep="\t", row.names="NAMES")
```

- ## 2.-Estandarizamos los datos del fichero diauxic.txt:

MiTablaSTD=t(scale(t(MiTabla)))

2. Generamos nuestra matriz de distancias a partir de nuestros datos estandarizados:

```
MisDistanciasSTD=dist(MiTablaSTD,method="euclidean")
```

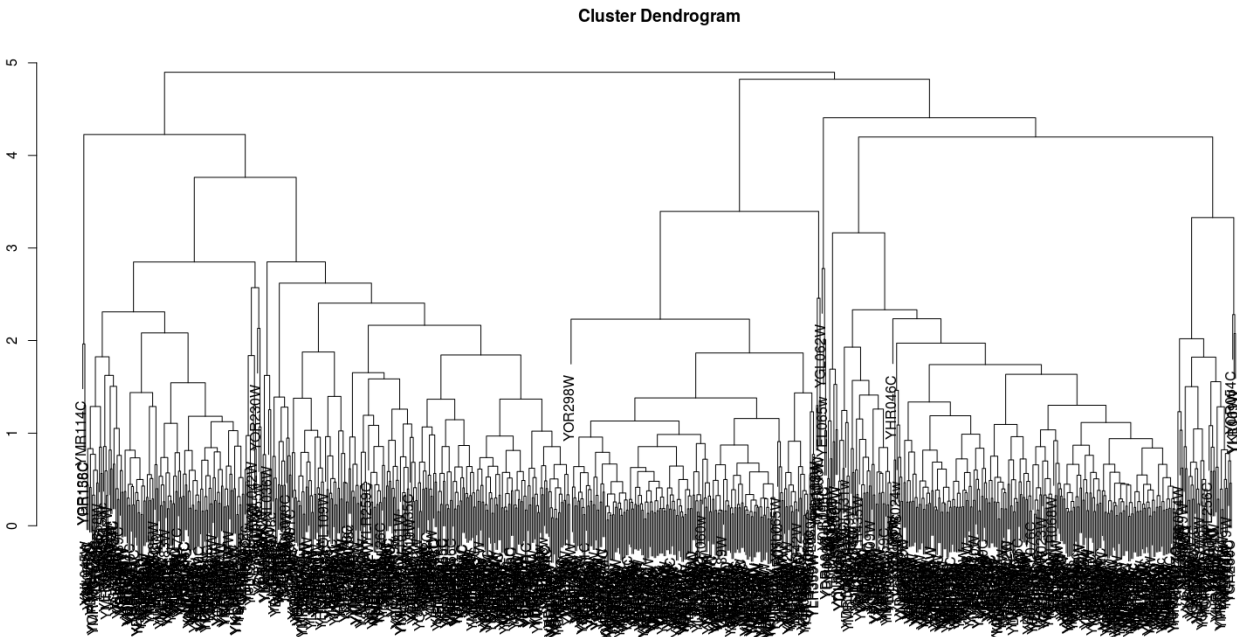
- 4.- Realizamos el agrupamiento de nuestros datos estandarizados mediante el método COMPLETE LINKAGE:

```
MiClusteringJerarquicoSTD=hclust(MisDistanciasSTD, method="complete")
```

- 5.- Visualizamos los resultados del agrupamiento mediante el siguiente comando:

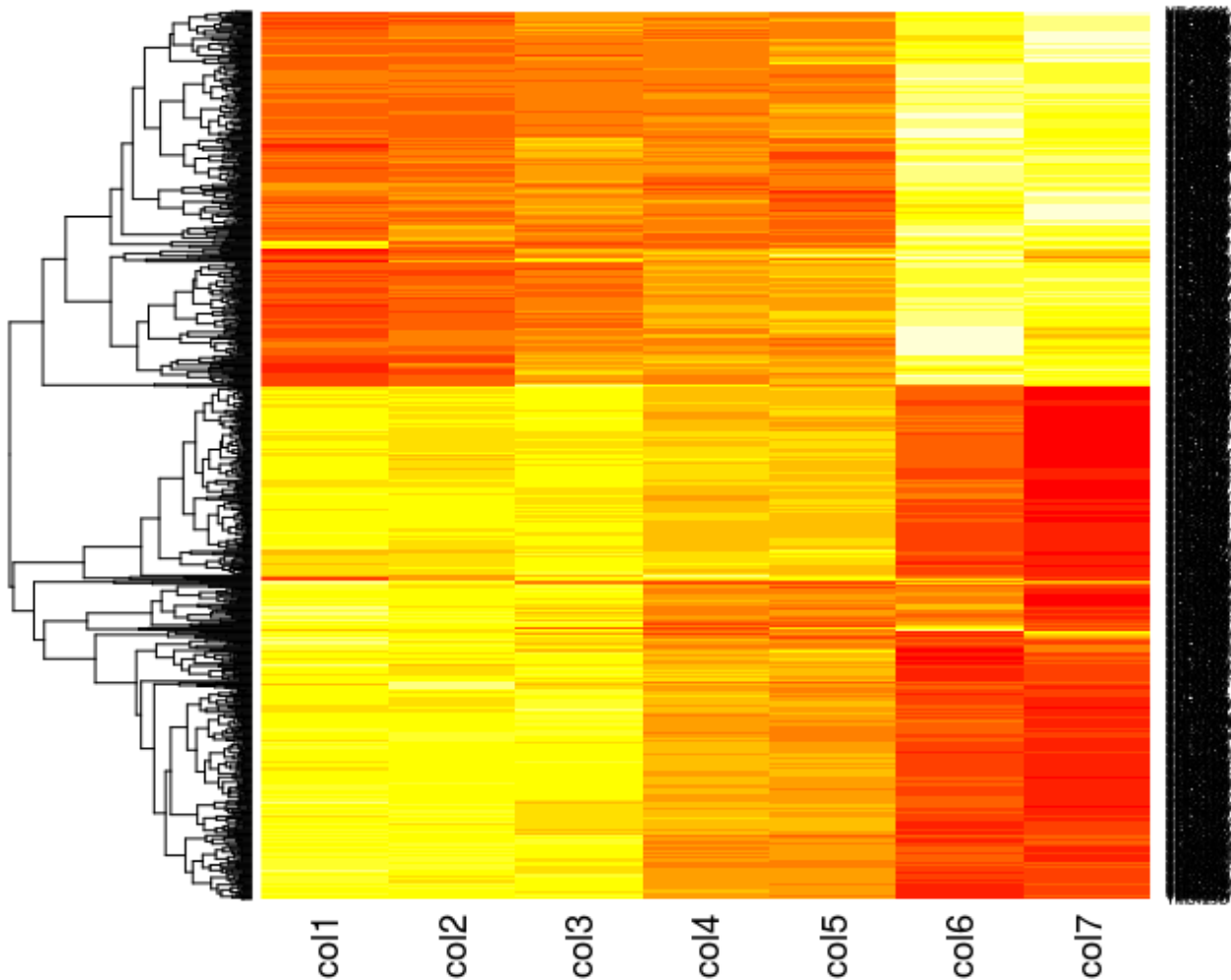
```
plot(MiClusteringJerarquicoSTD)
```

Resultado:



6.- heatmap(MiTablaSTD, Colv=NA)

Resultado:



Observando el dendrograma de los datos estandarizados y el heatmap, podemos ver que hay dos grupos bien distinguibles de genes. Uno que aumenta su expresión a lo largo del tiempo y el otro que disminuye.

7.- Visualizemos estos dos grupos mediante cortes en el árbol:

MiCorte=cutree(MiClusteringJerarquicoSTD,k=2)

Luego visualizamos:

plot(MiCorte)

