

Avant toutes choses

Nous aurons besoin du package pheatmap:

- · Vérifier que le package pheatmap est bien installé
- · Si non, l'installer, puis le charger

library(pheatmap)

Nous allons également avoir besoin des données fruits :

```
fruits <- readxl::read excel("fruits.xlsx")</pre>
```

Premier essai

pheatmap(fruits)

```
Error in hclust(d, method = method) :
   NA/NaN/Inf dans un appel à une fonction externe (argument 10)
De plus : Warning messages:
1: In dist(mat, method = distance) :
   NAs introduits lors de la conversion automatique
2: In dist(mat, method = distance) :
   NAs introduits lors de la conversion automatique
```

Pourquoi ça ne fonctionne pas?

Deuxième essai

```
pheatmap(fruits[, -(1:2)])
```

C'est déjà mieux?

Les arguments

- cluster rows = FALSE: enlever le dendrogramme sur les lignes
- scale = "column":pour standardiser les variables
- show rownames = FALSE: pour cacher les noms des lignes
- cellwidth = 10: pour avoir des plus petites cellules

Pour avoir une liste complète des arguments : ?pheatmap

Troisième essai

```
pheatmap(
    fruits[, -(1:2)],
    cluster_rows = FALSE,
    scale = "column",
show_rownames = FALSE,
cellwidth = 10
)
```

Comment changer les couleurs?

Quatrième essai

```
colfun <- colorRampPalette(
    c("darkorchid",
        "white",
        "limegreen"))

pheatmap(
    fruits[, -(1:2)],</pre>
cluster_rows = FALSE,
    scale = "column",
    show_rownames = FALSE,
    cellwidth = 10,
    color = colfun(20)

)
```

Comment ajouter des informations "qualitatives"?

Cinquième essai

```
pheatmap (
colfun <- colorRampPalette(</pre>
                                                            fruitsDF[, -1],
  c("darkorchid",
                                                            cluster rows = FALSE,
    "white",
                                                           scale = "column",
    "limegreen"))
                                                            show rownames = FALSE,
fruitsDF <- data.frame(</pre>
                                                            cellwidth = 10,
 fruits [,-1],
                                                            color = colfun(20),
 row.names = make.unique(fruits$nom))
                                                            annotation row = annotLignes
annotLignes <- fruitsDF[, "groupe",</pre>
                         drop = FALSE
```

A vous!

Changez la commande suivante pour obtenir un joli graphe.

```
pheatmap(
   t(fruits),
   scale = "row",
   color = c("black", "black"),
   legend_breaks = c(-6, 0, +6),
   border_color = "pink",
   cellheight = 100,
   cellwidth = 0.1,
   show_colnames = "FALSE"
)
```