

R Notebook

Code ▼

Hecho con gusto por Leislle R. Manjarrez O.

Laboratorio 43- Mapa de calor termico con pheatmap DATOS GENETICOS TOMADOS DE Sahir Bhatnagar. PRACTICA DE CODERS

Objetivo: Realizar un heatmap con datos geneticos En este ejercicio vamos a: 1. Cargar nuestra matriz hipotetica de datos y dataframes adicionales 2. Realizar varios heatmaps

Un mapa de calor es una representacion grafica de datos que utiliza un sistema de codificacion de colores para representar diferentes valores

Primero instalar la paquetería `install.packages("pheatmap")`

Llamar a la libreria

Hide

```
library(pheatmap)
```

Importar datos para realizar el laboratorio. Para este caso son 3 archivos a utilizar

Hide

```
file.choose()
```

Creamos un objeto con estructura matricial con el primer archivo

Hide

```
genes <- as.matrix(read.csv("heatmap_data.csv",
                           sep = ",",
                           header = T,
                           row.names = 1))
```

Realizamos lo mismo con el segundo archivo, solo que no se crea como matriz el objeto

Hide

```
annotation_col <- read.csv ("annotation_col.csv",
                           header = T,
                           row.names = 1)
```

Realizamos lo mismo con el segundo archivo, solo que no se crea como matriz el objeto

Hide

```
annotation_row <- read.csv ("annotation_row.csv",  
                             header = T,  
                             row.names = 1)
```

Visualimos los objetos creados

Hide

```
head(annotation_col)  
head(annotation_row)  
head(genes)
```

Generar el grafico con pheatmap. Es importante señalar que los clusters (dendrogramas) se generan de forma automática

Hide

```
pheatmap(genes)
```

Cambiar el tamaño de la fuente

Hide

```
pheatmap(genes, fontsize = 6)
```

Por default R clustea los renglones, en este caso los genes estan en los renglones y es lo que clustea. Para quitar el dendrograma de los pacientes (eje de la x) utilizamos las siguientes instrucciones

Hide

```
pheatmap(genes, fontsize = 6, cluster_rows = T, cluster_cols = F)
```

Como práctica ahora hacemos lo contrario, eliminamos los genes (eje de la y) dejando a los pacientes

Hide

```
pheatmap(genes, fontsize = 6, cluster_rows = F, cluster_cols = T)
```

Para regresar al grafico original

Hide

```
pheatmap(genes, fontsize = 6, cluster_rows = T, cluster_cols = T)
```

Para ver patrones subyacentes a las anotaciones de los renglones

[Hide](#)

```
pheatmap(genes, fontsize = 6, cluster_rows = T, cluster_cols = T, annotation_row = annotation_row)
```

Para ver patrones subyacentes a las anotaciones de los renglones y las columnas

[Hide](#)

```
pheatmap(genes, fontsize = 6, cluster_rows = T, cluster_cols = T, annotation_row = annotation_row, annotation_col = annotation_col)
```

Para quitar dendrogramas y colocar un título

[Hide](#)

```
pheatmap(genes, fontsize = 6, cluster_rows = T, cluster_cols = T, annotation_row = annotation_row, annotation_col = annotation_col, treeheight_row = 0, treeheight_col = 0, main = "Expresión Genética")
```

Para extraer datos de forma específica (un subconjunto de la totalidad), se crea objeto con ciertas características

[Hide](#)

```
sub <- genes [c(1:5, 55:60), c(1:5, 20:35, 55:60)]
```

Para graficar el nuevo objeto o subconjunto de datos reciclamos el código y solo cambiamos genes por sub

[Hide](#)

```
pheatmap(sub, fontsize = 6, cluster_rows = T, cluster_cols = T, annotation_row = annotation_row, annotation_col = annotation_col, treeheight_row = 0, treeheight_col = 0, main = "Expresión Genética")
```

Para aumentar el tamaño de las columnas sea mayor, no aparezca la anotación de las leyendas y desplegar los números dando un tamaño

[Hide](#)

```
pheatmap(sub, fontsize = 6, cluster_rows = T, cluster_cols = T, annotation_row = annotation_row, annotation_col = annotation_col, treeheight_row = 0, treeheight_col = 0, main = "Expresión Genética", fontsize = 8, annotation_legend = FALSE, display_numbers = TRUE, fontsize_number = 6)
```

Para cambiar color llamar la paquetería de viridis

[Hide](#)

```
library(viridis)
```

Reciclamos código anterior y con viridis llamamos a la opción plasma, magma, viridis, inferno

Hide

```
pheatmap(sub, fontsize = 6, cluster_rows = T, cluster_cols = T, annotation_row = annotation_row, annotation_col = annotation_col, treeheight_row = 0, treeheight_col = 0, main = "Expresión Genética", fontsize = 8, annotation_legend = FALSE, display_numbers = TRUE, fontsize_number = 6, col = viridis_pal(option = "inferno") (6))
```

Para visualizar la distancia entre los genes

Hide

```
dist(sub)
```

Para identificar el mapa de calor de la correlación de los datos en este caso de los pacientes

Hide

```
pheatmap(cor(sub))
```

Generamos un objeto con la matriz transpuesta y generamos mapa genes y no pacientes

Hide

```
trans <- t(sub)
pheatmap(cor(trans))
```