

R Notebook

[Code ▾](#)

Hecho con gusto por Leislle R. Manjarrez O.

Laboratorio 44A- Heatmaps con gplots

Instalamos la paqueteria `install.packages("gplots")` `install.packages("ggplot2")`

Se llaman librerias

[Hide](#)

```
library(stats)
library(gplots)
library(ggplot2)
```

Creamos un objeto (mat) suponiendo que contiene los valores de 4 genes (I1, I2, h1, h2) los cuales son medidos en 8 puntos de tiempo

Graficamos para observar que h1 y h2 son altos e I1 y I2 son bajos

[Hide](#)

```
h1 <- c(10,20,10,20,10,20,10,20)
h2 <- c(20,10,20,10,20,10,20,10)

I1 <- c(1,3,1,3,1,3,1,3)
I2 <- c(3,1,3,1,3,1,3,1)

mat <- rbind(h1, h2, I1, I2)

par(mfrow=c(1,1),mar=c(4,4,1,1))
plot(1:8,rep(0,8),ylim=c(0,35),pch="",xlab="Time",ylab="Gene Expression")

for (i in 1:nrow(mat)){
  lines(1:8,mat[i,],lwd=3,col=i)}

legend(1,35,rownames(mat), 1:4, cex=0.7)
```

Calculamos la distancia entre estos objetos/genes y graficamos en un dendrograma

[Hide](#)

```
dist(mat)
plot(hclust(dist(mat)))
```

Observamos que la medida de distancia predeterminada es la euclidiana por lo que h1 y h2 estan mas cerca, asi como l1 e l2 Busquemos la ayuda sobre heatmap

Hide

```
?heatmap
```

El valor predeterminado es fila si el simbolo es falso y ninguno en caso contrario. Vamos a marcar parametros explicitos

Hide

```
heatmap(mat,Colv = NA,col=greenred(10),scale = "row")
```

Vemos que h1 y h2 se agrupan igual que l1 e l2. Tambien observamos que h1,h2 tienen valores grandes pero tienen el mismo color rojo que l1 e l2, lo que confirma que el mapa de calor se agrupa primero y luego escala la fila para representar el color.

Ahora quitaremos la bascula dentro de heatmap

Hide

```
heatmap(mat,Colv = NA, col=greenred(10),scale = "none")
```

No cambia la forma de agrupar pero si el color. Vamos a escalar los genes antes de introducirlos al mapa de calor

Hide

```
mat.scaled <-t(scale(t(mat), center = TRUE, scale = TRUE))
mat.scaled
```

Volvemos a calcular la distancia entre genes visualizando los cambios mediante el dendrograma

Hide

```
dist(mat.scaled)
plot(hclust(dist(mat.scaled)))
```

Vemos que ahora h1 w l1 están agrupados igual que h2 e l2. Graficamos este resultados en un mapa de calor

Hide

```
heatmap(mat.scaled, Colv = NA,col= greenred(10),scale = "none")
```

Es importante pensar si es necesario escalar o no los datos antes porque como vemos esto afecta el aspecto de los mapas de calor. Suponiendo que no se escalaron los datos de antemano y queremos que l1 y h1 se agrupen, así como l2 y h2, es posible utilizar una medida de distancia diferente. Hagamos un ejemplo y grafiquemos para observar los cambios

Hide

```
cor(t(mat))  
1-cor(t(mat))  
hc <- hclust(as.dist(1-cor(t(mat))))  
plot(hc)
```

Ahora graficamos el mapa de calor configurando la escala en ninguno

Hide

```
heatmap(mat, Colv = NA, Rowv = as.dendrogram(hc), col= greenred(10), scale = "none")
```

Vemos como siguen agrupados l2 y h2, así como l1 y h1 pero por el rango de valores es diferente ya que l1 e l2 son verdes (valores pequeños) y h1 y h2 son rojos (valores grandes). Si en la escala (scale) consideramos los renglones (row) entonces adecuaremos el gráfico

Hide

```
heatmap(mat, Colv = NA, Rowv = as.dendrogram(hc), col= greenred(10), scale = "row")
```

Es importante poner atención a la escala de color pues en heatmap.2 el valor predeterminado es ninguno

Hide

```
heatmap.2(mat,trace = "none", Colv = NA, dendrogram = "row", scale = "none")
```

Es un hecho que en R primero se agrupa y luego usa el argumento de escala (si está configurado) para representar datos. Nuevamente vamos a escalar primero los datos explícitamente con la distancia euclidiana

Hide

```
heatmap.2(t(scale(t(mat), center= TRUE, scale = TRUE)), trace = "none", Colv = NA, dendrogram = "row", scale = "none")
```

Usaremos 1-cor(x) como distancia y no escalaremos de antemano

Hide

```
heatmap.2(mat, trace = "none",  
          Colv= NA, dendrogram = "row",  
          scale = "none",  
          hclust=function(x) hclust(x, method='complete'), distfun=function(x) as.dist(1-cor(t(x))))
```

Nuevamente usaremos $1-\text{cor}(x)$ como distancia y no escalaremos de antemano, pero usaremos la escala de la funcion heatmap.2 para representar colores

Hide

```
heatmap.2(mat, trace = "none",  
          Colv= NA, dendrogram = "row",  
          scale = "row",  
          hclust=function(x) hclust(x, method='complete'), distfun=function(x) as.dist(1-cor(t(x))))
```

Por ultimo escalamos de antemano y usamos $1-\text{cor}(x)$ como distancia

Hide

```
heatmap.2(t(scale(t(mat), center=TRUE, scale=TRUE)), trace = "none",  
          Colv= NA, dendrogram = "row",  
          hclust=function(x) hclust(x, method='complete'), distfun=function(x) as.dist(1-cor(t(x))))
```