

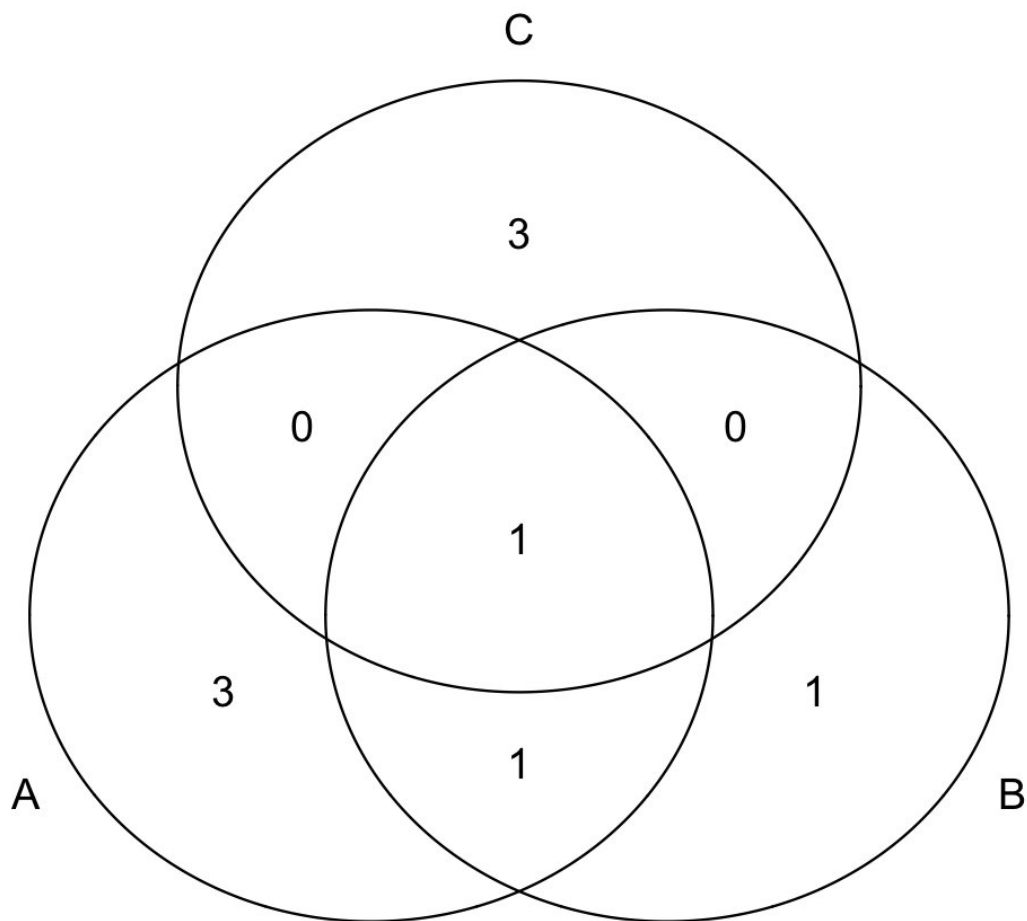
Venn diagrams

用于查看多个数据集的交集

```
venn(data, universe=NA, small=0.7, showSetLogicLabel=FALSE, simplify=FALSE,  
show.plot=TRUE, intersections=TRUE, names,...)
```

data, Either a list containing vectors of names or indices of group intersections, or a data frame containing boolean indicators of group intersectionship

```
venn(list(A=1:5, B=4:6, C=c(4, 8:10)))
```



```
v.table <- venn(list(A=1:5, B=4:6, C=c(4, 8:10)))
```

v.table显示对应list的交集

```
attr(v.table, "intersections")
```

```
> attr(v.table,"intersections")
$A
[1] "1" "2" "3"

$B
[1] "6"

$C
[1] "8" "9" "10"

$`A:B`
[1] "5"

$`A:B:C`
[1] "4"
```

Heatmap diagrams

首先默认条件下，有4部分将展示在图中，左上方为着色key图，右上方为列的系统树图，左下方为行的系统树图，右下方为热图。该分布可由"lmat", "lwid", "lhei", 重新指定："lmat", 控制每个部分的相对位置；"lwid", 控制列的宽度组合；"lhei", 控制行的高度组合。

输入data为matrix

data(mtcars)`

```
x <- as.matrix(mtcars)
```

定义颜色

col=redgreen; col=greenred; col=bluered; col=redblue

使用rainbow函数定义

```
cc <- rainbow(ncol(x), 0,0.3,0,0.3)
```

```
rc <- rainbow(nrow(x), 0, 0.4, 0,0.4)
```

选择进化树

dengrogram=c("both","row","column","none"), 默认表示行和列均绘制进化树

数据标准化

scale=c("none","row","column"), 默认无，避免数据差异太大导致分布不明显

key图显示(图形左上角)

key=c(T, F), 默认T，对应显示左上角图例，对应Keysize=1，表示key图大小；对应还有key.title, key.xlab, key.ylab

trace基线图显示, tracecol对应基线颜色, 默认cyan

trace=c("both","row","column","none"), 默认为both, 显示热图基线图

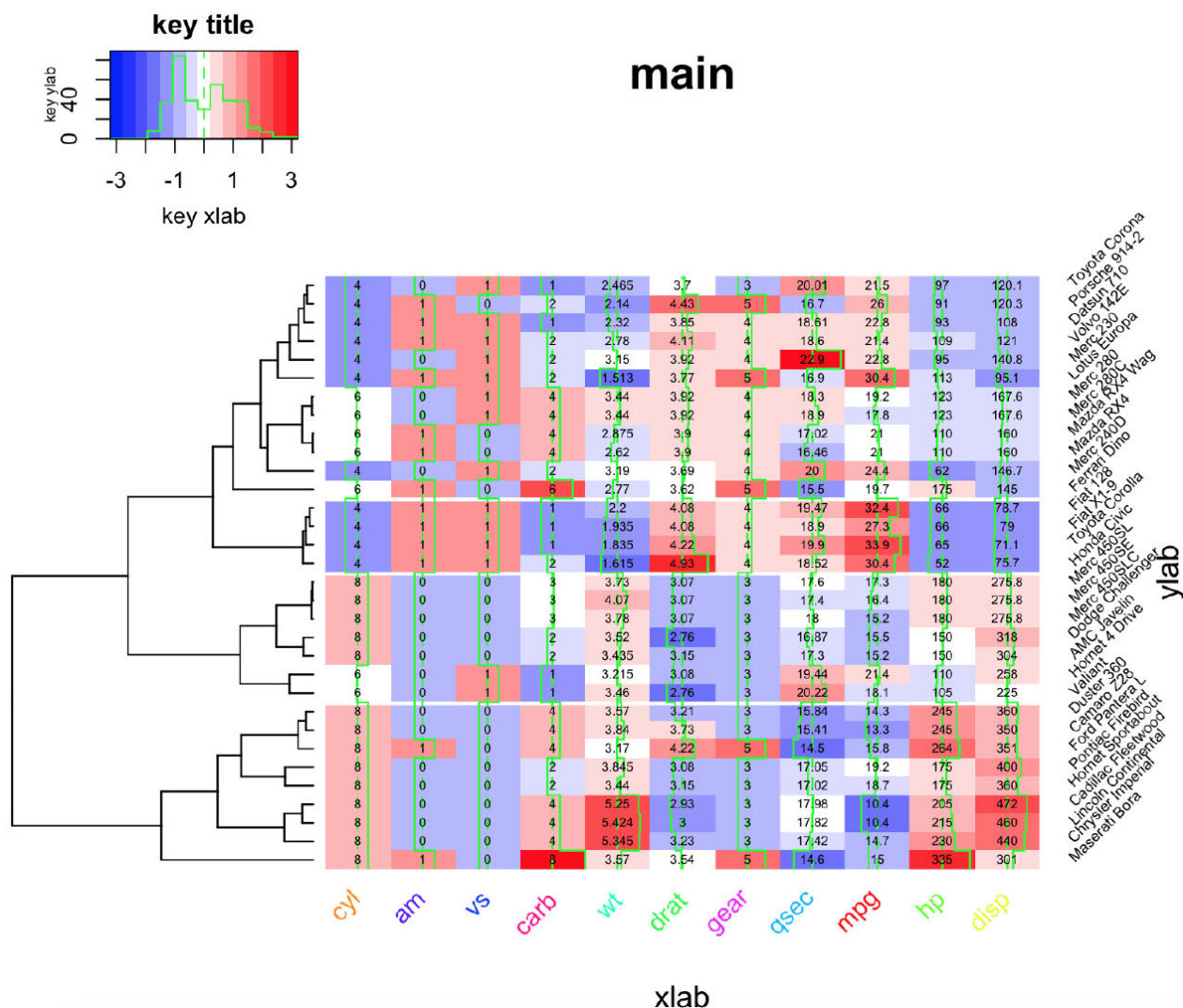
rowsep, colsep, 对应向量将row和col分类, sepwidth, 对应向量描述间距宽度(占行或列%),
sepcolor, 对应间距颜色

labRow, labCol, cexCol, cexRow, srtRow, srtCol, adjRow, adjCol, 对应内容, colnames(x), rownames(x)字符大小, 旋转角度及与坐标轴距离

xlab, ylab, main对应xy,main轴添加标签内容

cellnote=x, notecex, notecol对应将数值, 大小, 颜色显示到热图内

```
heatmap.2(x,scale="column",col="bluered",dendrogram="row",xlab="xlab",ylab="ylab"  
 ,main="main",rowsep=c(12,16,23),sepcolor="white",sepswidth=c(0.5,0.1),trace="column"  
 ,  
 tracecol="green",cexRow=0.6,cexCol=1,colRow="black",colCol=rainbow(ncol(x)),srtRow  
 =45,srtCol=45,cellnote=x,notecex=0.5,notecol="black",key.title="key  
 title",key.xlab="key xlab",key.ylab="key ylab")
```



使用extrafun将key图换成散点图

mar指定了当前一幅图距离四边的位置, c("bottom", "left", "top", "right"), 这里对应为图5; lmat对应了5副图及其位置, 默认存在4幅图, 1为map, 2为column dendrogram, 3为row column dendrogram, 4 为key map; lhei和lwid分别对应行高组合和列宽组合。

因此可以在myplot函数中修改调整第5副图参数

```
lmat <- rbind(c(5,3,4), c(2,1,4))

lhei <- c(1.5, 4)

lwid <- c(1.5, 4, 0.75)

myplot <- function(){

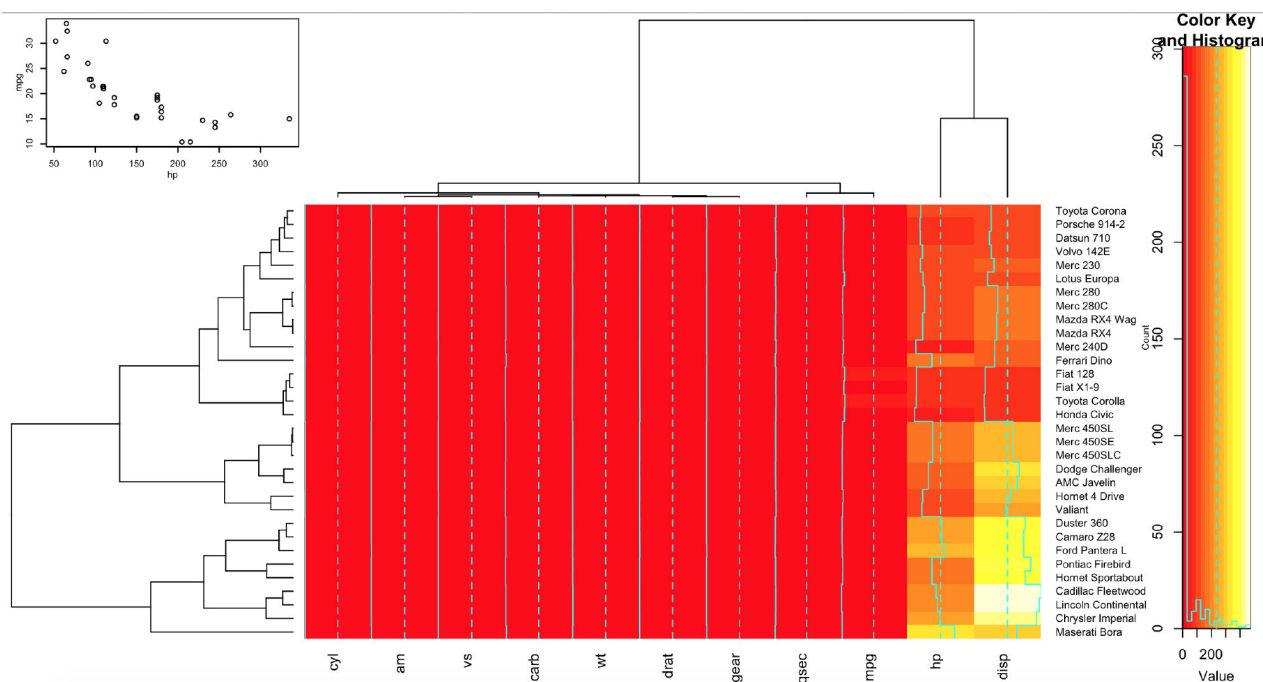
oldpar <- par("mar")

par(mar = c(5.1, 0.5, 0.5, 4.1))

plot(mpg ~ hp, data=x)

}

heatmap.2(x, lmat=lmat, lhei=lhei, lwid=lwid, extrafun=myplot)
```



Notes

```
layout(mat=lmat, widths=lwid, heights=lhei)
```

lmat 是一个矩阵, 描述屏幕如何被划分的. 默认, heatmap.2将屏幕划分为4个单元格,因此, lmat 为2x2 矩阵. 矩阵中的每个单元的数字描述了按照如何顺序绘制这4幅图的. Heatmap.2根据一下顺序绘制器单元: 1, Heatmap; 2, Row dendrogram; 3, Column dendrogram; 4, Key. 因此, 默认的 lmat 为 rbind(4:3,2:1):

```
> rbind(4:3,2:1)
      [,1] [,2]
[1,]    4    3
[2,]    2    1
```

如果想要在heatmap下面绘制key, 需这样指定:

```
> lmat = rbind(c(0,3),c(2,1),c(0,4))
> lmat
      [,1] [,2]
[1,]    0    3
[2,]    2    1
[3,]    0    4
```

`lwid` 和 `lhei` 为向量指定每行/列的高度/宽度. 默认为 `lwid` 和 `lhei` 都为 `c(1.5,4)`(左右/上下顺序). 如果, 改变了 `lmat`, 那么就可能需要适当改变着两个值. 如上面例子, 想要保证所有其他单元相同的大小, 但是想要在底部获得一个细的color key, 可以这样指定:

```
>lwid = c(1.5,4)
>lhei = c(1.5,4,1)
```

那么就可以根据这三个函数来调整相对位置

`margins=c(5,5)` 长度为2的向量分别包含列和行名称的边缘距离.

`offsetRow` 和 `offsetCol`在行/列标签和绘图区域边缘之间的字符宽度空间数值

目前尚无发现有效的调整图像边缘空白区域办法