

## BioData Lab <Visualization : Heatmap3 >

김성민, 2018.6.22

필요한 library

```
library(heatmap3)
library(RColorBrewer)
library(gplots)
```

read data

```
od<-read.csv("D:/git/SungminCode/HGU/BioData/HowTo/heatmap/sample.csv",header = T,sep = ',')
dim(od)
```

## data processing

```
data<-od
rownames(data)<-data$patient #data 의 row names을 data의 patient이름으로
data<-subset(data,select = -c(patient,index)) # heatmap3에는 index와 patient이름이 필요가 없다.
```

##basic heatmap3

```
#heatmap에 들어가는 data는 다 numeric data로 되어야 함.
#그래서 cancer_code를 지우고, result를 gene interaction을 보는 heatmap 에는 필요가 없다.
#나중에 복잡한 heatmap 그릴때 필요!
```

```
input<-subset(data,select = -c(cancer_code,result))
input <-as.matrix(input)
```

```
#처음에는 일단 기본적인 heatmap을 그린다.
png("파일이름",파일 크기)
--figure--
dev.off() 이것을 해야 plot이 close되고 파일을 최종 저장한다. plot을 저장할때 항상 필요
#그리고 plot을 다시 그릴때 dev.off를 하면 plot 창에 그림이 다 지워진다.
```

#이렇게 안해도 rstudio 옆에 plot에 보여주긴 한다.

#예) 그냥 png() dev.off()를 빼고 heatmap3(input)만 run! 하면 오른쪽아래 plot크기만 크게 하면 될 것 보일 것이

다.

#하지만 가끔 오류가 뜨게 되면, 이 방법을 통해 확인 가능

#일단 주석처리 하고 질문이 있으면.. 저에게..

```
133     margins = c(3,10),
134     colsidecolors = myCols)
135
136
137 legend(title = "Result","topright",legend =
138         ,border = FALSE,bty = "n", y.intersp
139
140 dev.off()
141
```

Files Plots Packages Help Viewer

Zoom Export

Console R Markdown x

```
+ margins = c(3,16),
+ colsidecolors = myCols)
> legend(title = "Result","topright",legend = c("c
+   ,border = FALSE,bty = "n", y.intersp =1.0
+ ,cex = 1.0)
> dev.off()
null device
1
> heatmap3(t(input),col = mc, #scale = 'none',
+   breaks = col_breaks, colv = NA,
+   margins = c(3,16),
+   colsidecolors = myCols)
Error in plot.new() : figure margins too large
>
```

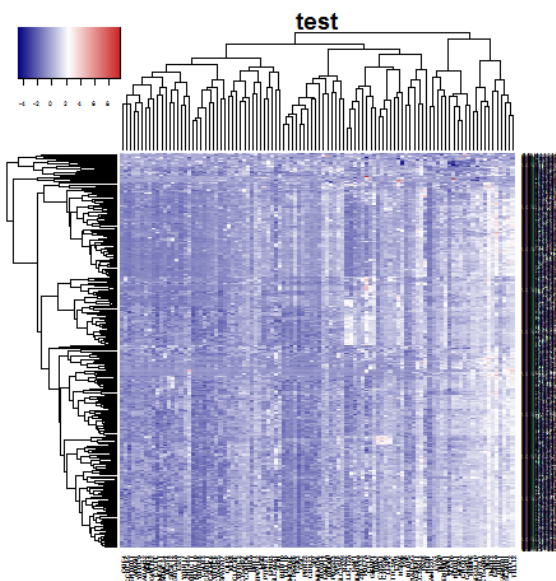
(빨간줄) 경고가 뜨면 rstudio를 전체 화면을 하고 파란색 클릭!

#png("basic\_heatmap3.png")

#main은 plot 이름을, cexRow = ROW 글자 크기, cexCol = COL 글자 크기. 변경해보면서 확인!

heatmap3(input,main = "test",cexRow = 0.5, cexCol = 0.5)

dev.off()

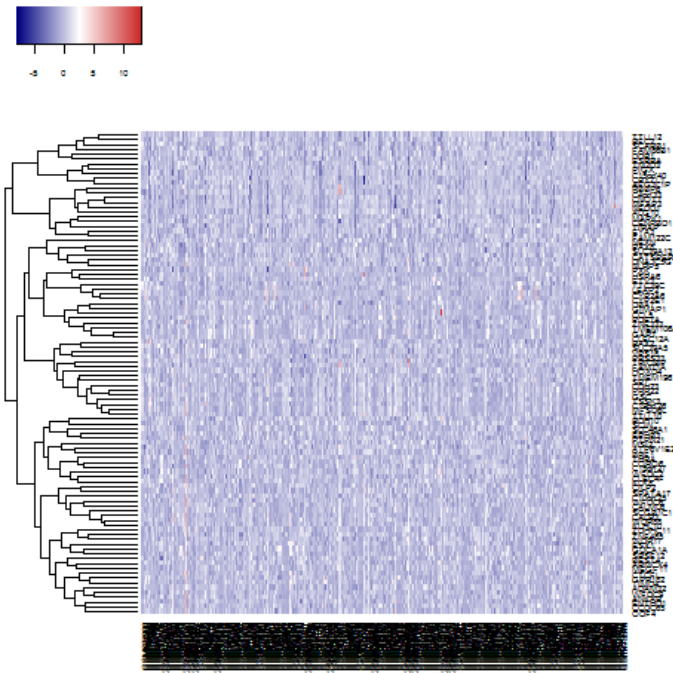
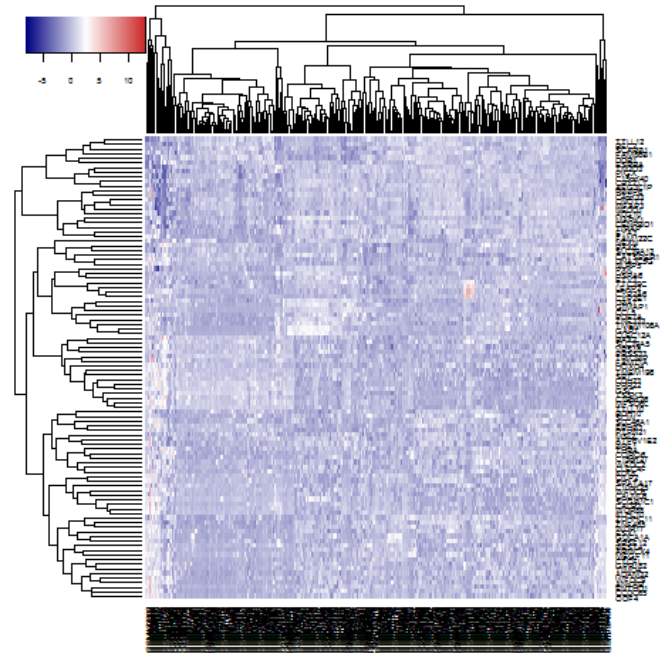


## ## heatmap ColV RowV

#지금 그림을 보면 가로 = 사람, 세로 = gene이름이 있다.  
# 그리고 자동으로 clustering (위에 나뭇가지 처럼 되어 있는 그림)이 된다.  
# 이것을 조절 하는 것이 Colv, Rowv parameter 이다.  
# 그리고 우리 기존 data.frame이 row = patient, col = variables이다.  
# t(input)을 통해 row, col의 위치를 바꾸어 준다.  
# 그리고 ColV = NA로 설정하면 col의 나뭇가지가 없어진다.

*#colv = T와 비교해보면 확실하게 느낌이 올것이다.*

```
#png("heatmap_colv_F.png")  
heatmap3(t(input),Colv = F)  
dev.off()
```



```
#png("heatmap_colv_NA.png")  
#colv = NA는 나뭇가지 지우기  
heatmap3(t(input),Colv = NA)  
dev.off()
```

##color and breaks

```
#png("heatmap_color.png")  
heatmap3(t(input),col = greenred(100)) # col = 색 설정  
dev.off()
```

#breaks 는 색 range를 설정해 주는 것이다.

*#여러가지 색을 사용하기 위해 새로운 color를 저장한다.*

```
mc <- colorRampPalette(c("red", "yellow", "skyblue", "blue"))(n = 399)
```

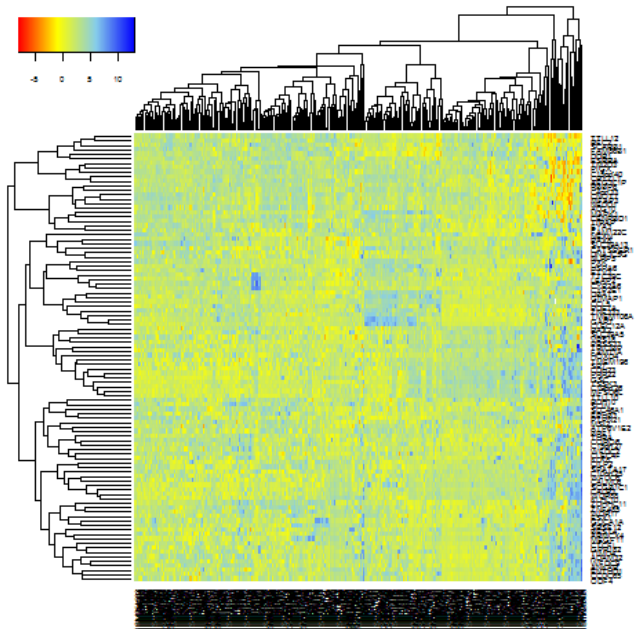
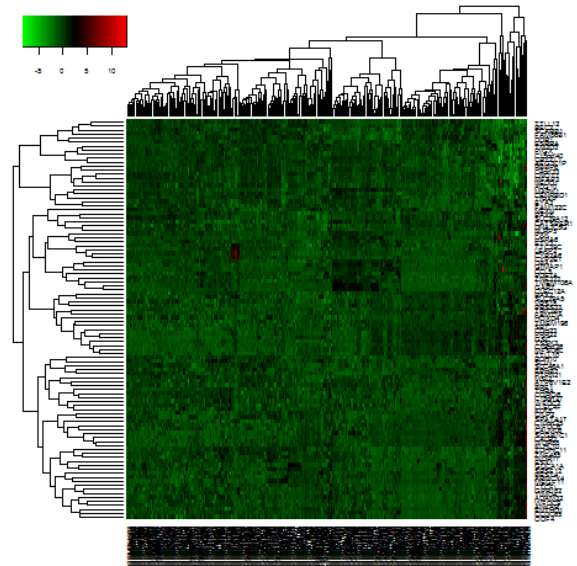
*#col\_breaks 에 저장을 한다.*

```
col_breaks = c(seq(-10,-3,length=100),  
               seq(-2.99,0,length=100),  
               seq(0.01,3,length=100),  
               seq(5,10,length=100))
```

#여기서 중요한 점은 color의 갯수(n)이 breaks length  
의 갯수보다 1 작아야 한다.

#length의 합 = n + 1 # 400 = 399 + 1

```
#png("heatmap_color_break.png")  
heatmap3(t(input),col = mc, breaks = col_breaks)  
dev.off()
```



## scale

*scale = 'none'으로 설정 하면 original data 값으로 구분함.*

#그전에는 heatmap에서 scale을 조절함(default = 'row')

**#png("heatmap\_scale.png")**

**heatmap3(t(input),col = mc, breaks = col\_breaks,scale = 'none') # scale (왼쪽 위 key value 값 확인)**  
**dev.off()**

##heatmap 위에 원하는 index bar 추가!

# heatmap에 cancer code와 result 값을 추가!

#이전에 orginat data를 다시 가공해야함

**model <- od**

**model <- model[order(-model\$result,model\$cancer\_code),]**

**gc <- factor(model\$cancer\_code)**

**cancer\_code <- model\$cancer\_code**

**num\_cancercode <- length(levels(model\$cancer\_code))**

**CancerCode\_color <- rainbow(num\_cancercode)[as.integer(gc)]**

**fresult <- function(result){**

**if(result == 1) {"#CC0000"} #red**

**else{"#00FF00"} #green**

**}**

**result\_color <- unlist(lapply(model\$result,fresult))**

**myCols <- cbind(result\_color,CancerCode\_color)**

**colnames(myCols)[1] <- "Result"**

**colnames(myCols)[2] <- "CancerCode"**

**model <- subset(model,select =**

**c(patient,cancer\_code,result,index))**

**input <- data.matrix(model)**

**png("heatmap\_extra\_colbar.png")**

*#Scale, colv 값을 조절하면서 보면 차이를 확일 할 수 있다.*

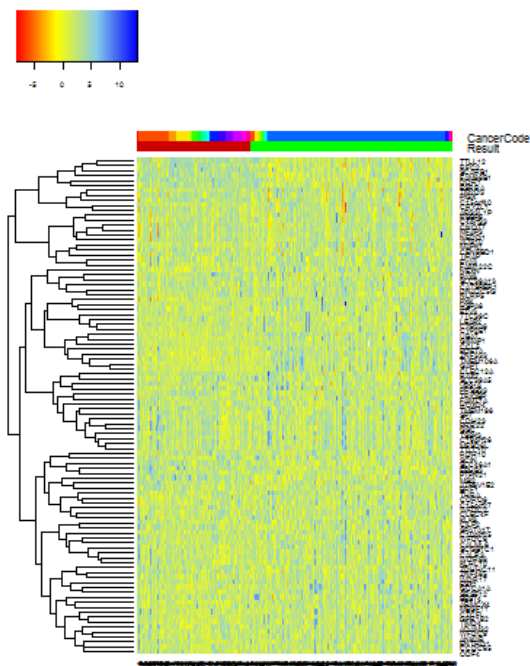
**heatmap3(t(input),col = mc, #scale = 'none',**

**breaks = col\_breaks, Colv = NA,**

**margins = c(3,16),**

**ColSideColors = myCols)**

**dev.off()**



##legend 추가

```
png("heatmap_extra_colbar_with_legend.png")
```

*#Scale, colv 값을 조절하면서 보면 차이를 확일 할 수 있다.*

```
heatmap3(t(input),col = mc, #scale = 'none',  
         breaks = col_breaks, Colv = NA,  
         margins = c(3,16),  
         ColSideColors = myCols)
```

```
legend(title = "Result","topright",legend = c("Cancer","Normal"),fill = c("red","green")  
       ,border = FALSE,bty = "n", y.intersp =1.0,cex = 1.0)
```

```
dev.off()
```

