

JAGS_LAB 32

Juan Antonio González Sierra

4/3/2021

Objetivo: Realizar un heatmap con datos geneticos

En este ejercicio vamos a: 1. Cargar nuestra matriz hipotética de datos y dataframes adicionales 2. Realizar varios heatmaps

Para este laboratorio debemos instalar el programa de heatmap y llamarlo

```
install.packages("pheatmap")
```

```
## Installing package into '/home/rstudio-user/R/x86_64-pc-linux-gnu-library/4.0'  
## (as 'lib' is unspecified)
```

```
library(pheatmap)
```

Vamos a trabajar con tres archivos, utilizamos file.choose() para localizarlos (si lo integro, me marca error en MD) y los nombramos así, Al archivo de heatmap_data.csv lo nombramos genes

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

Al archivo de annotation_col.csv lo nombramos annotation_col

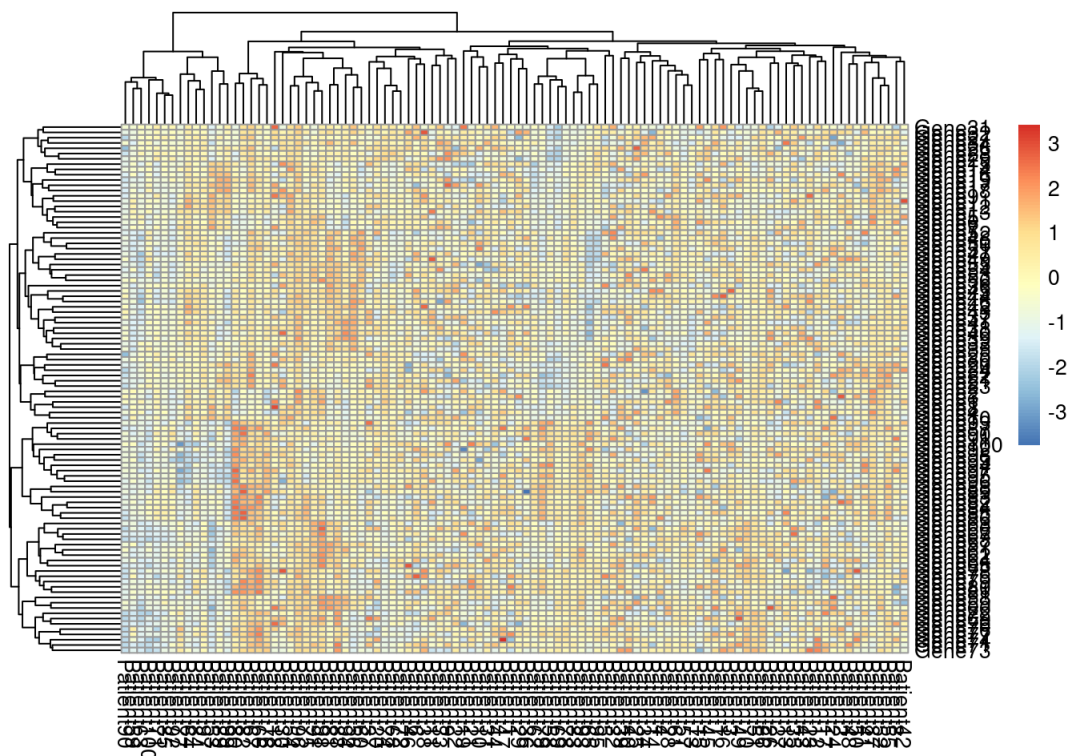
```
annotation_col <- read.csv("/cloud/project/annotation_col.csv",  
  header = T,  
  row.names = 1)
```

Al archivo de annotation_row.csv lo nombramos annotation_row

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

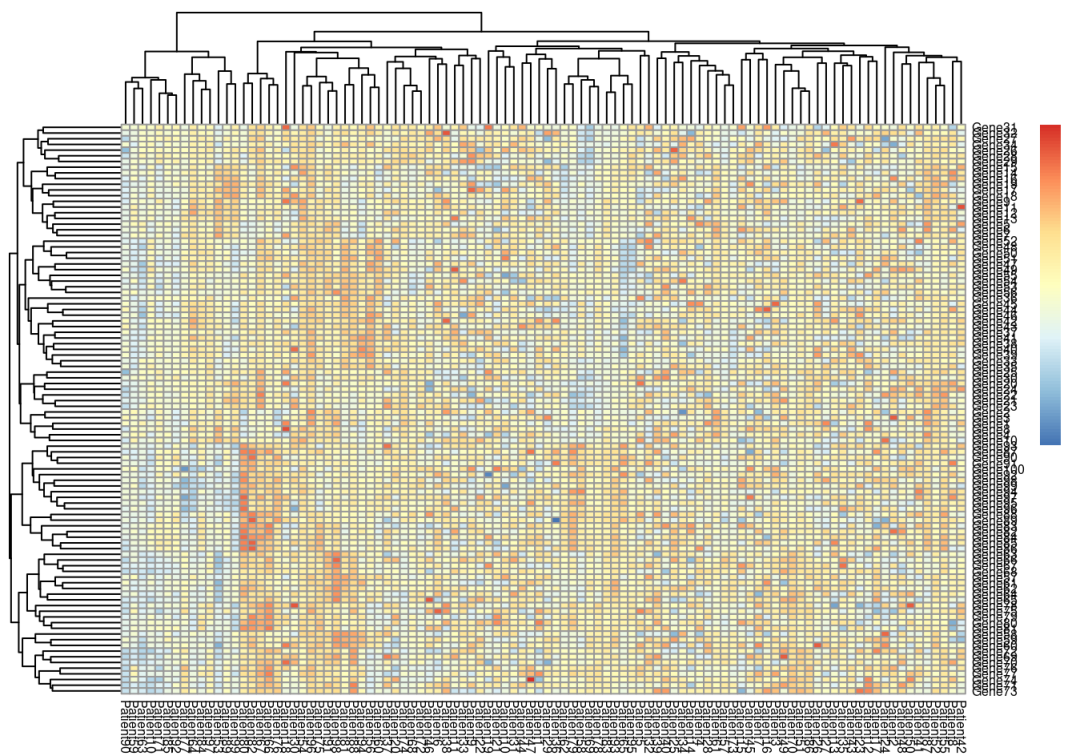
Ahora vamos a graficar con pheatmap a genes

```
pheatmap(genes)
```



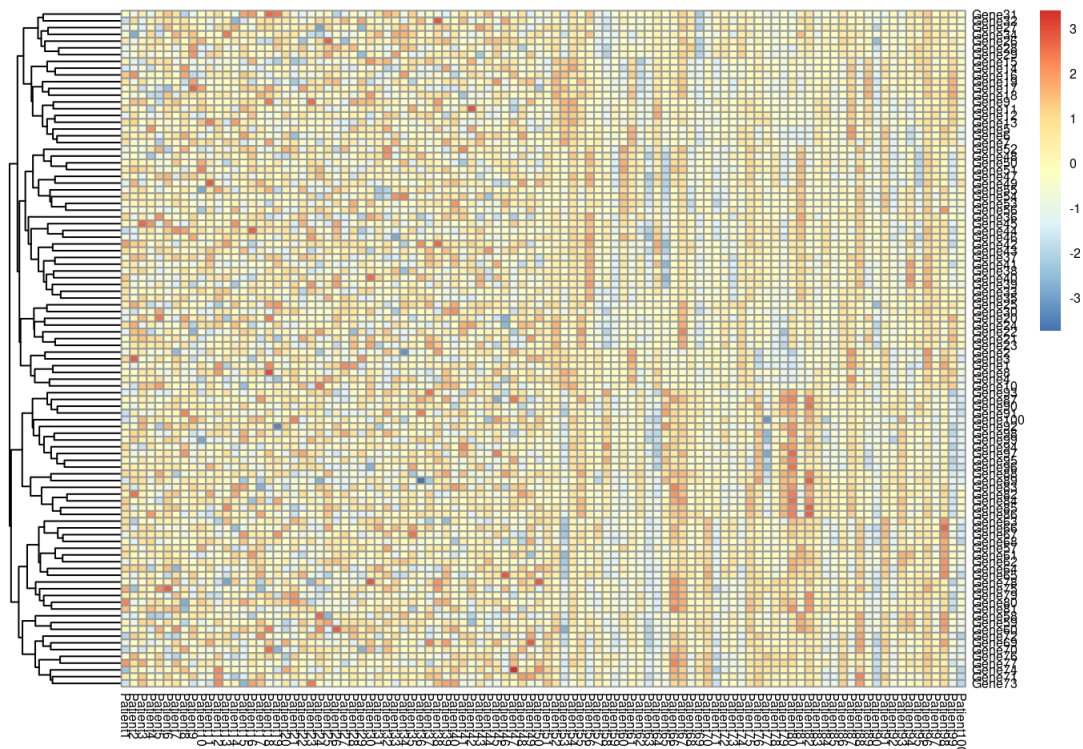
Para cambiar el tamaño de letra en el gráfico heatmap

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



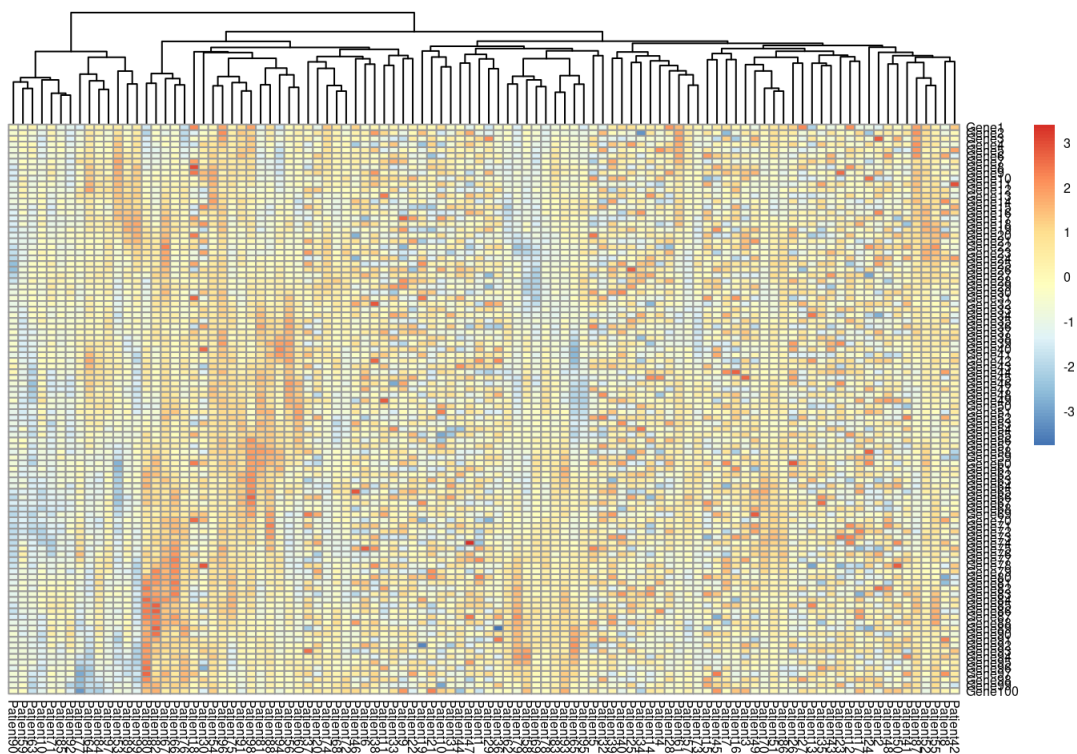
Se puede observar que por default se tienen los clústers de las filas y columnas cluster by gene - groups of similar genes—LOS GENES ESTAN EN LOS RENGLONES (clusteo por default pero lo podemos quitar tanto en pacientes como en genes) POR DEFAULT CLUSTEA LOS RENGLONES

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



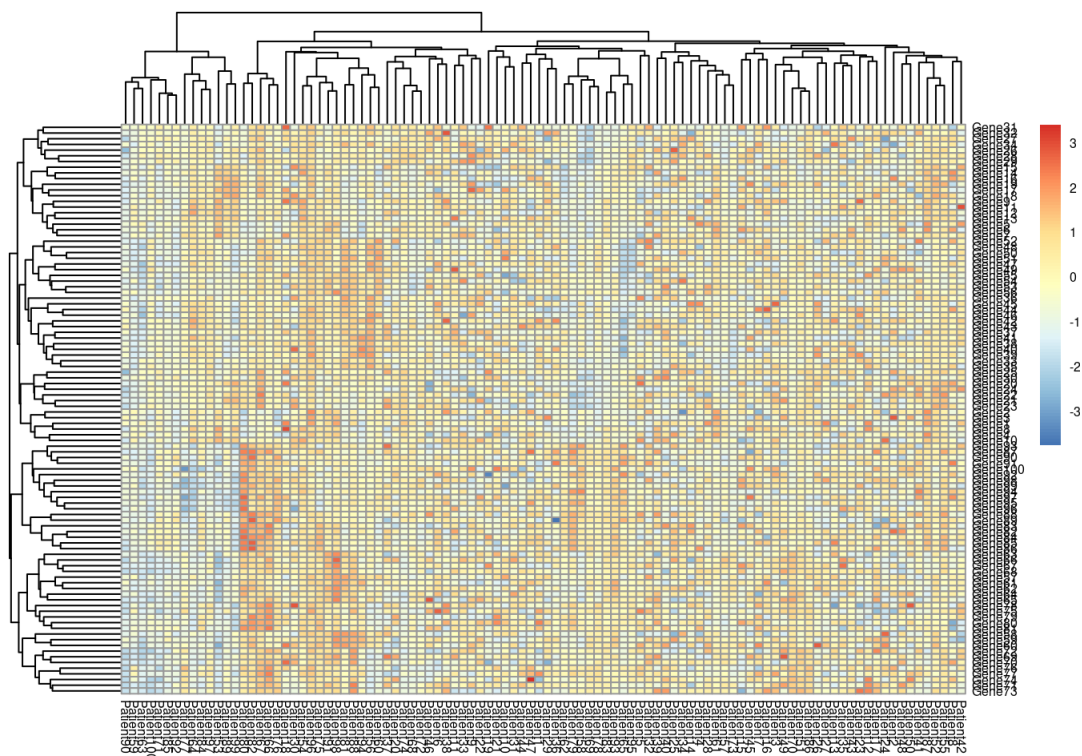
Para clustear por pacientes DEBES HACER QUE LAS COLUMNAS SE TRANSFORMEN A RENGLONES

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



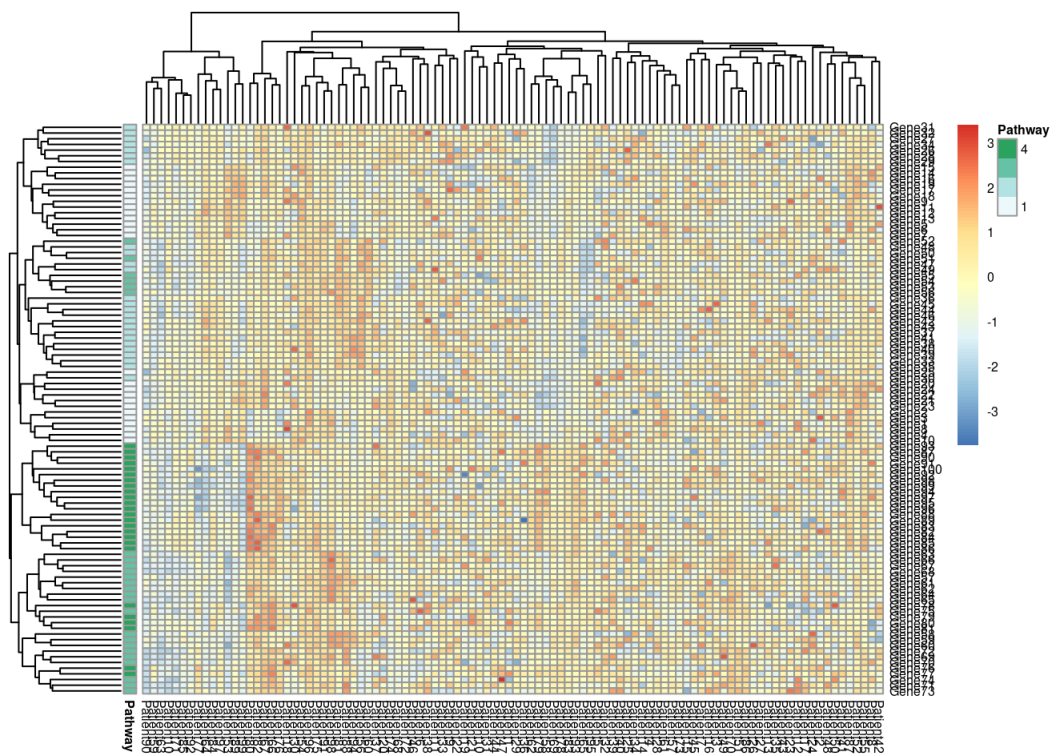
Como usualmente lo grafica

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

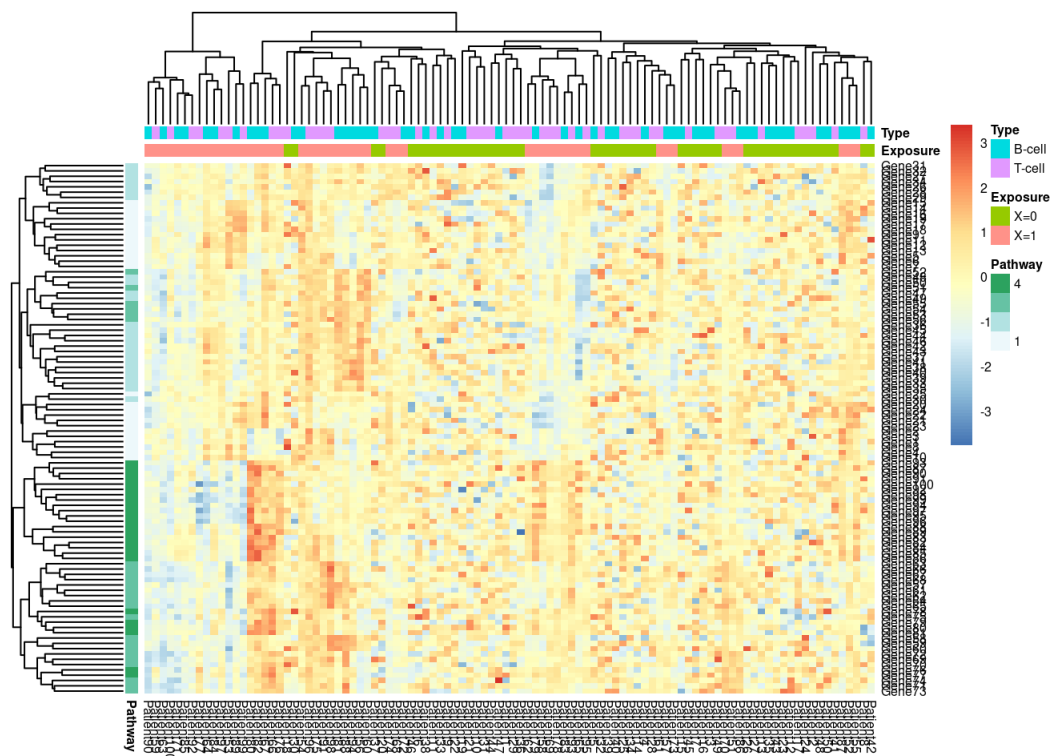
Vamos añadir anotaciones a nuestro gráfico para entender mejor la información, agregamos anotaciones a las filas (genes)

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



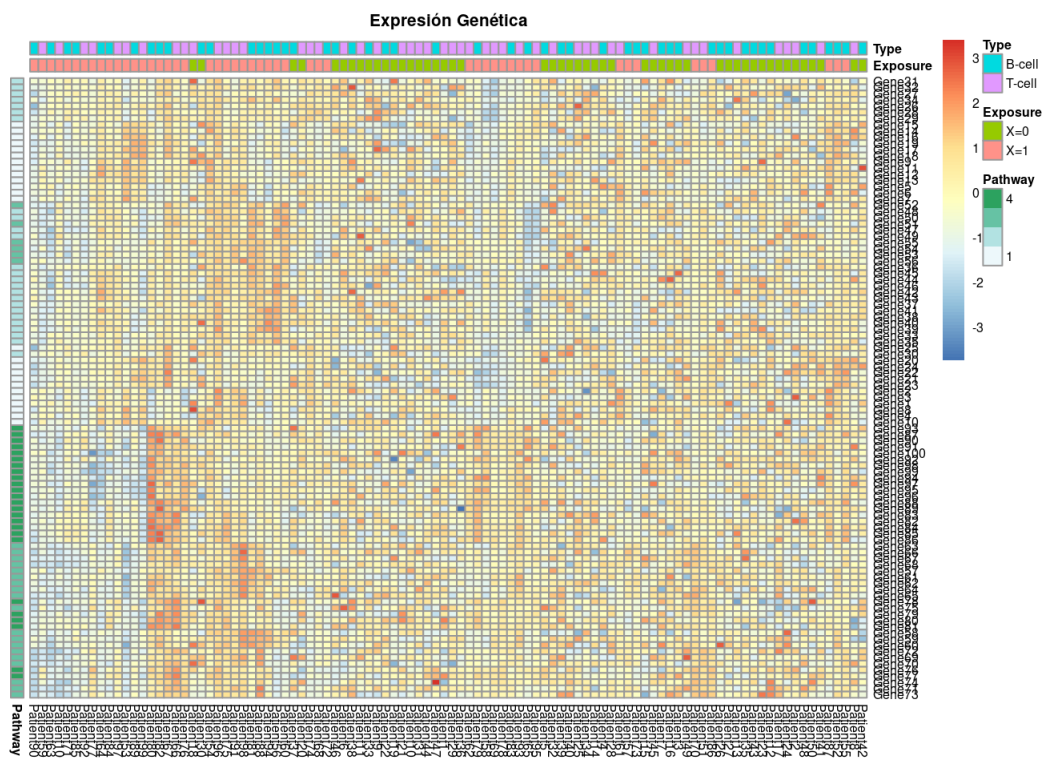
Agregamos anotaciones a las columnas (pacientes), con esto se tiene la información de la condición y tipo de droga

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



Realizar Gráfica completa a la que quitamos dendrogramas

```
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")
```

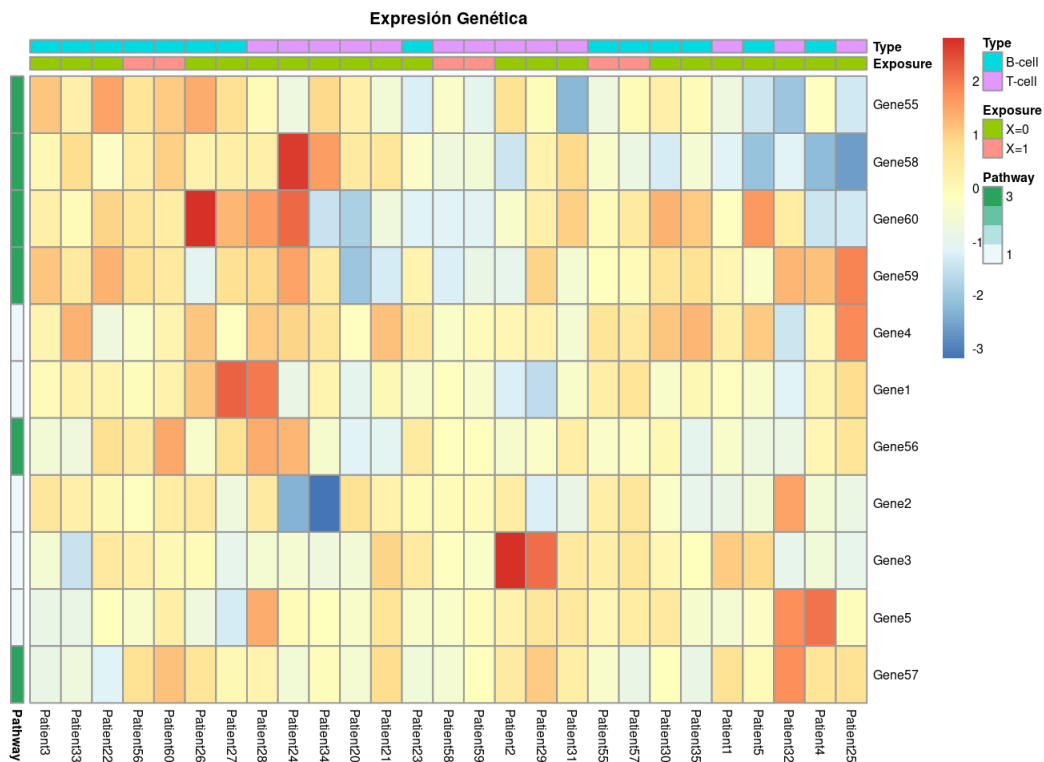


Tomar datos de la matriz, creas submatrices

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

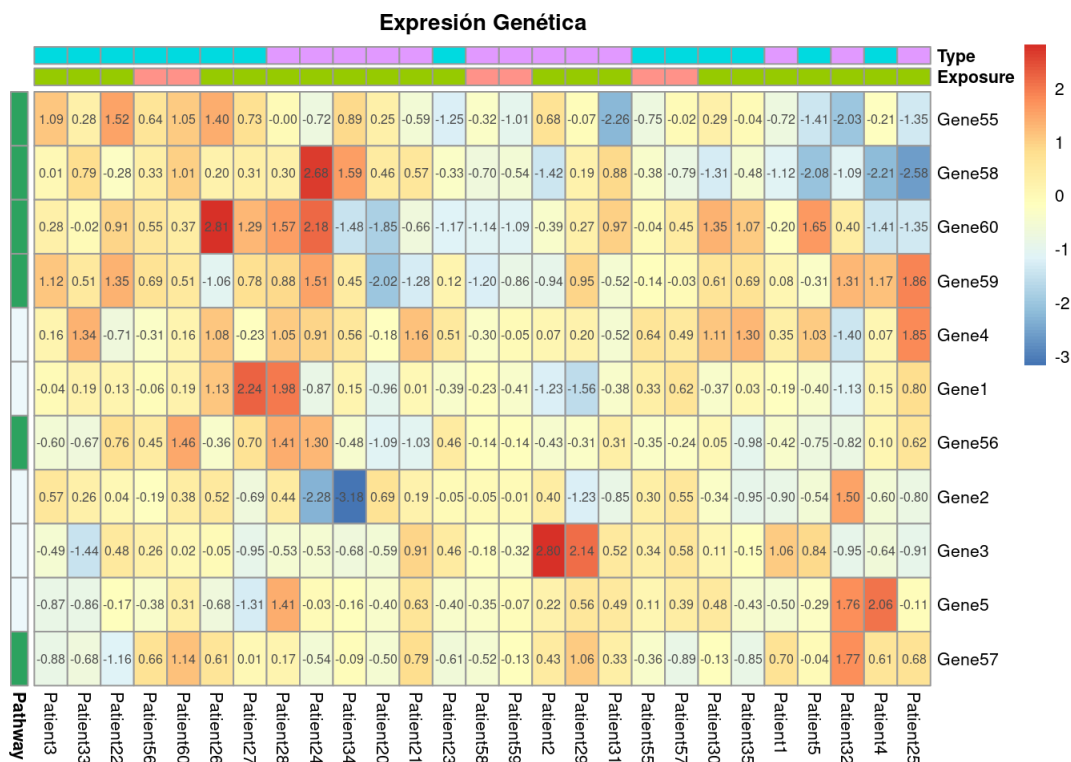
Graficar submatriz del paso anterior

```
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")
```



Con subset 2 – DESPLEGAR VALORES

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



Para tener nueva paleta de colores en tus heatmaps, debes instalar viridis

```
install.packages("viridis")
```

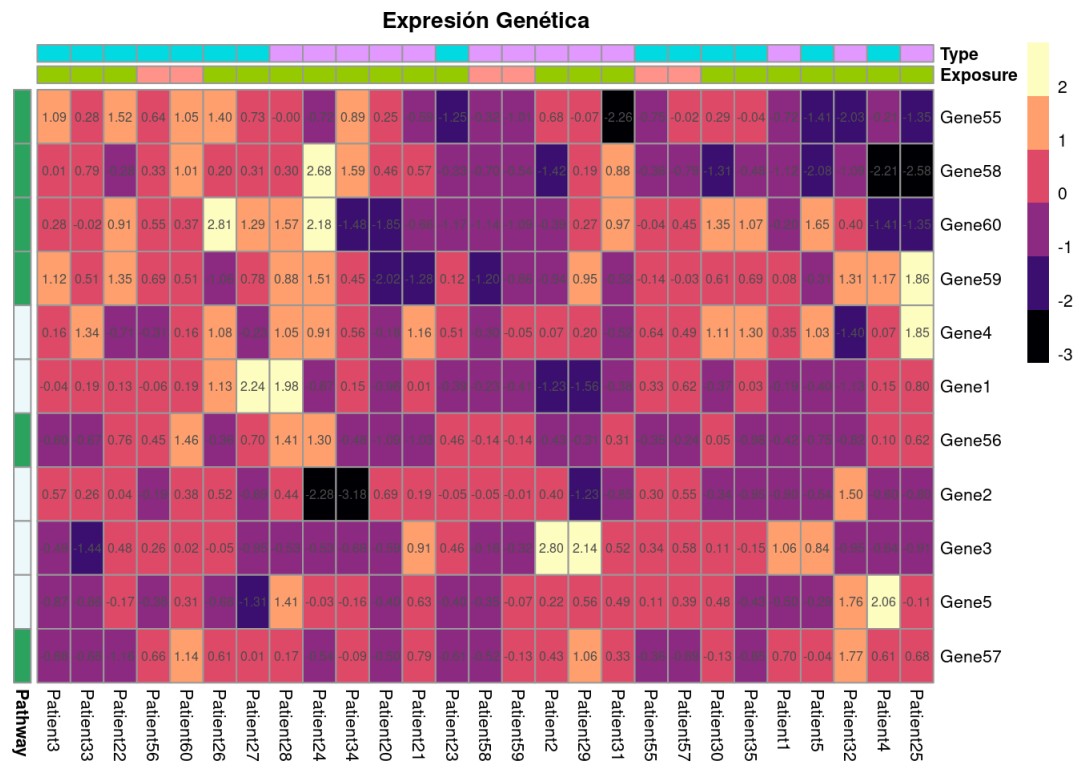
```
## Installing package into '/home/rstudio-user/R/x86_64-pc-linux-gnu-library/4.0'  
## (as 'lib' is unspecified)
```

```
library(viridis)
```

```
## Loading required package: viridisLite
```

Los colores magma, plasma, viridis, inferno

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



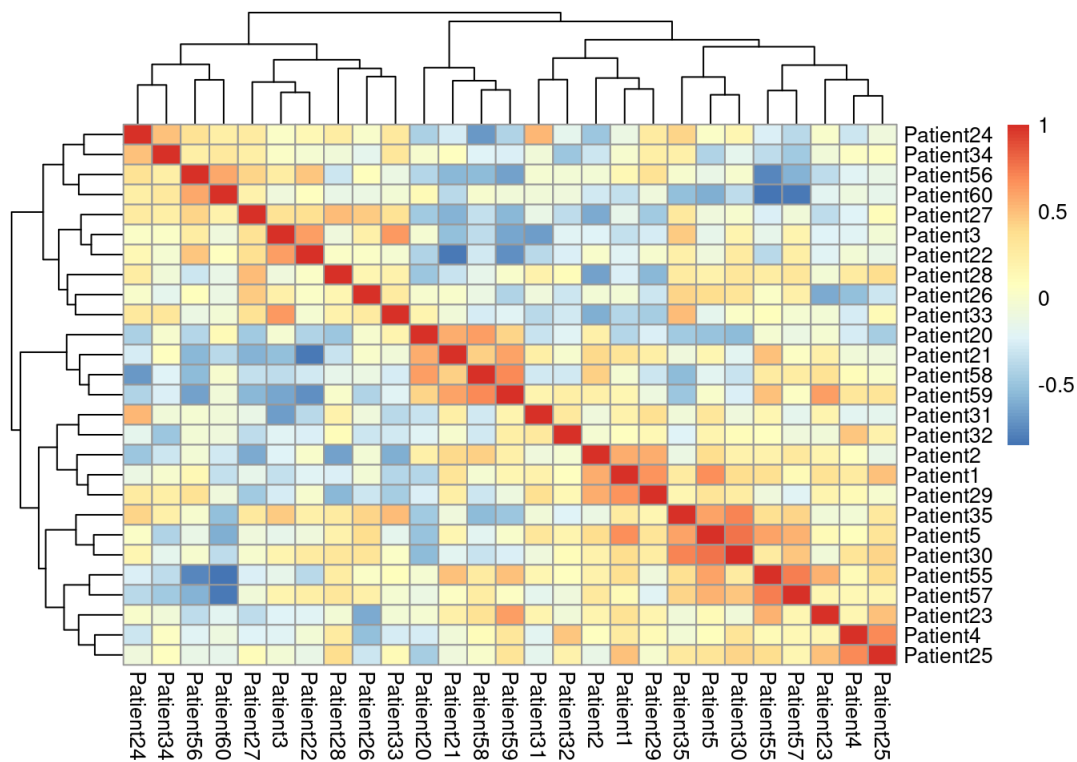
ELEMENTOS ADICIONALES EN TUS HEATMAPS Distancias entre los elementos (MATRIZ)

```
dist(sub)
```

```
##          Gene1      Gene2      Gene3      Gene4      Gene5      Gene55      Gene56      Gene57
## Gene2  6.506125
## Gene3  7.823569  7.021725
## Gene4  5.253565  7.649124  6.516104
## Gene5  6.411847  5.977640  5.967513  6.184570
## Gene55 5.703940  6.969997  7.096321  6.837653  7.534618
## Gene56 4.544832  6.723925  6.542745  5.805165  5.150859  6.028094
## Gene57 6.124657  6.069362  5.550487  6.004035  3.881691  7.122986  5.209746
## Gene58 7.417422  8.796956  8.462521  7.874145  8.030439  6.777444  6.292359  7.669524
## Gene59 6.189649  8.293720  7.977707  6.115718  5.821355  7.317126  4.835770  6.104449
## Gene60 6.623226  8.133474  7.665999  6.837342  7.659167  7.569942  6.373711  7.296198
##          Gene58      Gene59
## Gene2
## Gene3
## Gene4
## Gene5
## Gene55
## Gene56
## Gene57
## Gene58
## Gene59 8.312043
## Gene60 7.813793  6.992657
```

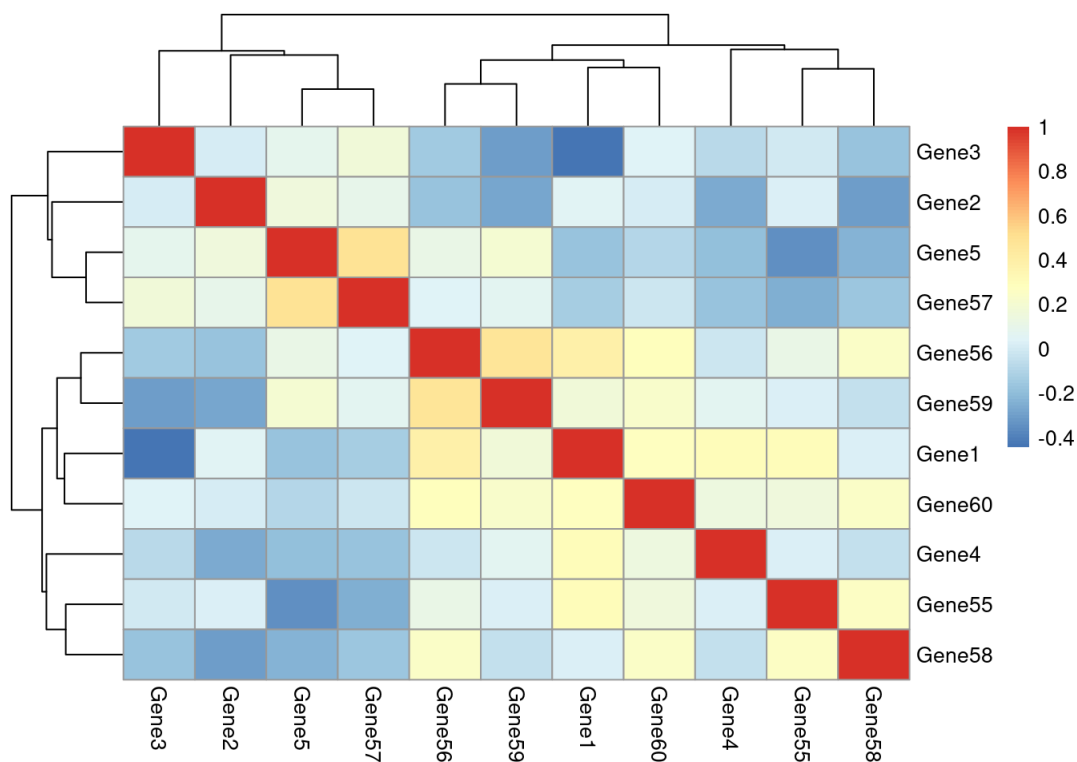
Correlación pacientes

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



Correlación genes (Primero se calcula la matriz transpuesta de sub y luego la correlación)

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



FIN DE LA PRÁCTICA