

le code ayant permis d'afficher cette heatmap pour un nombre restreints (2000) de gènes choisis au hasard.

```
num.genes <- sample.int(nrow(BIC.expr), 2000)

# les couleurs de la matrice
ma.paLETTE <- colorRampPalette(c("red", "black", "green"))
expr.colors <- ma.paLETTE(10000)

# le dendrogramme est calculé en amont à l'aide de la fonction
hclust,
# avec la bonne "distance" et le bon "critère
d'agrégation"
col_dend = as.dendrogram(hclust(BIC.dist, method = "ward.D2"))

# les annotations pour les tumeurs (ici, les colonnes)
classes <- unique(BIC.sample.classes$cancer.type)
type.cancer.colors <- rainbow(n = length(classes))
names(type.cancer.colors) <- classes
classes <- unique(BIC.sample.classes$ER1)
ER1.colors <- rainbow(n = length(classes))
names(ER1.colors) <- classes
classes <- unique(BIC.sample.classes$PR1)
PR1.colors <- heat.colors(n = length(classes))
names(PR1.colors) <- classes
classes <- unique(BIC.sample.classes$Her2)
Her2.colors <- topo.colors(n = length(classes))
names(Her2.colors) <- classes
annot.tumeur.column = HeatmapAnnotation(df =
BIC.sample.classes,
                                     col = list(cancer.type
= type.cancer.colors,
ER1.colors, PR1 = PR1.colors,
Her2.colors)
)

# la heatmap
ma.heatmap <-
ComplexHeatmap::Heatmap(as.matrix(BIC.expr[num.genes, ]), name
= "heatmap.epxr", col = expr.colors,
  column_title = "les tumeurs",
  row_title = "les gènes",
  cluster_columns = col_dend,
  show_column_names = FALSE, show_row_names = FALSE,
  bottom_annotation = annot.tumeur.column
)
draw(ma.heatmap)
```