

R 语言知识点汇编

Author: DavidSciMeow

2026-01-16

目录

1 R 语言概述	1
1.1 R 的起源与发展	1
1.2 安装与运行 R	1
1.3 安装与使用包	1
1.4 工作空间管理	2
1.5 集成开发环境 RStudio	2
1.6 帮助系统	3
1.7 R 语言与大数据	3
1.8 小结	3
2 数据类型与运算	4
2.1 基础知识	4
2.2 数据类型	4
2.3 基本运算	4
3 程序设计基础	6
3.1 控制流	6
3.1.1 顺序结构	6
3.1.2 分支结构	6
3.1.3 循环结构	6
3.1.4 选择结构	6
3.2 函数设计	6
3.2.1 声明、定义与调用	6
3.2.2 返回值	6
3.2.3 函数的输入输出	7
3.2.4 环境与范围	7
3.2.5 递归函数	7
3.3 编程规范与性能优化	7
3.3.1 使用脚本	7
3.3.2 编程规范	7
3.3.3 性能优化	7
4 类与对象	8
4.1 面向对象程序设计方法	8
4.1.1 结构化程序设计方法的问题	8
4.1.2 对象与类的概念	8
4.1.3 面向对象程序设计的特点	8
4.1.4 R 中类的体系	8
4.2 S3 类	8
4.2.1 S3 类定义	8
4.2.2 创建 S3 类对象	8
4.2.3 S3 类的泛型函数	8
4.2.4 定义 S3 类的方法	8
4.2.5 编写 S3 类的泛型函数	8
4.3 S4 类	9
4.3.1 S4 类的定义	9
4.3.2 创建 S4 类的对象	9
4.3.3 访问插槽	9
4.3.4 S4 类的泛型函数	9
4.3.5 定义 S4 类的方法	9
4.4 引用类	9

4.4.1	定义引用类	9
4.4.2	创建引用类的对象	9
4.4.3	访问和修改引用对象的域	9
4.4.4	引用类的方法	10
4.5	继承	10
4.5.1	S3 类的继承	10
4.5.2	S4 类的继承	10
4.5.3	引用类的继承	10
4.5.4	多重继承	10
5	数据结构与数据处理	11
5.1	向量	11
5.1.1	创建向量	11
5.1.2	使用索引访问向量	11
5.1.3	循环补齐	11
5.1.4	向量比较	11
5.1.5	按条件提取元素	11
5.2	矩阵和数组	11
5.2.1	创建矩阵	11
5.2.2	线性运算	11
5.2.3	使用矩阵索引	11
5.2.4	Apply 函数族	11
5.2.5	多维数组	11
5.3	数据框	12
5.3.1	创建数据框	12
5.3.2	访问元素	12
5.3.3	使用 SQL 语句查询数据	12
5.4	因子	12
5.5	列表	12
5.6	数据导入与导出	12
5.6.1	数据文件的读写	12
5.6.2	rio 包	12
5.6.3	数据编辑器	12
5.7	数据清洗	12
5.7.1	数据排序	12
5.7.2	数据清洗的一般方法	12
5.7.3	mice 包	13
6	绘图和数据可视化	14
6.1	基本图形和绘图函数	14
6.1.1	基础图形的创建	14
6.1.2	新增绘图窗口	14
6.1.3	导出图形	14
6.2	调整绘图参数	14
6.2.1	自定义特征	14
6.2.2	调整符号与线条	14
6.2.3	调整颜色	14
6.2.4	调整标签和标题文本	14
6.3	其他自定义元素	14
6.3.1	坐标轴	14
6.3.2	次要刻度线	14
6.3.3	网格线	15

6.3.4	叠加绘图	15
6.3.5	图例	15
6.3.6	标注	15
6.4	描述性统计图	15
6.4.1	柱状图	15
6.4.2	饼图	15
6.4.3	直方图	15
6.4.4	箱型图	15
6.4.5	三维绘图	15
6.5	动态图形	15
6.5.1	保存 GIF	15
6.5.2	ganimate 包	15
7	总结	16
7.1	学习建议	16
7.2	扩展阅读	16

留空

1 R 语言概述

1.1 R 的起源与发展

R 最早源自贝尔实验室的 S 语言的思想和实现，目标是为统计计算和图形展示提供一种交互式语言。1990 年代早期，Ross Ihaka 与 Robert Gentleman 在新西兰奥克兰大学基于 S 设计并实现了 R。随后 R 在全球范围内被学术界和工业界广泛采纳，形成了以 CRAN（Comprehensive R Archive Network）为核心的软件和文档分发体系。R 基金会（R Foundation）负责协调 R 的发展与发布，社区通过贡献包、文档和示例推动了生态的扩展。

1.1.0.1 演化 R 从最初作为统计研究工具演变为数据科学常用语言之一：核心语言保持稳定，扩展主要通过 CRAN、Bioconductor、GitHub 等渠道提供大量领域包（统计建模、可视化、机器学习、生物信息等）。近年出现了诸如 `data.table`、`tidyverse`、`sparklyr` 等重要项目，提升了 R 在大数据与工程化场景下的可用性。

1.1.0.2 R 的特点

- 开源免费，跨平台（Windows、macOS、Linux）。
- 面向向量和矩阵的计算模型，内置丰富的统计函数与绘图功能。
- 强大的包生态（CRAN、Bioconductor 等）和活跃社区支持。
- 交互式分析与脚本化工作流并重，便于探索性分析与可重复研究。
- 支持扩展的 C/Fortran 接口以及与数据库、大数据平台的集成能力。

1.2 安装与运行 R

1.2.0.1 获取 R 可从 CRAN 官网（<https://cran.r-project.org>）或各地镜像下载适用于不同操作系统的安装包；在部分 Linux 发行版上也可通过包管理器安装。

1.2.0.2 安装

- Windows：下载官方安装程序并按提示安装。
- macOS：下载 .pkg 安装包或使用 Homebrew（`brew install r`）。
- Linux：使用发行版的包管理器（如 `apt`、`yum`）或从源代码编译安装。

1.2.0.3 运行 R

- 交互式：R 命令进入交互式控制台；Windows 有 RGui。
- 脚本运行：使用 `Rscript your_script.R` 或 R CMD BATCH 在批处理/生产环境中执行脚本。
- IDE：常用 RStudio、VS Code（配合 R 扩展）提供更友好的开发环境。

1.3 安装与使用包

1.3.0.1 什么是包 包（package）是 R 的功能扩展单元，包含 R 代码、数据、文档、示例与测试。CRAN 是标准分发渠道，Bioconductor 面向生物信息学领域，GitHub 常用于开发版分发。

1.3.0.2 安装包

- 从 CRAN: `install.packages("pkgname")`。
- Bioconductor: 使用 `BiocManager::install("pkg")`。
- GitHub: 使用 `devtools::install_github("user/repo")` 或 `remotes::install_github()`。

1.3.0.3 载入与使用 使用 `library(pkgname)` 或 `require(pkgname)` 载入包; 也可用 `pkgname::function()` 直接调用包内函数, 避免污染全局命名空间。

1.3.0.4 卸载包 使用 `remove.packages("pkgname")` 从库中移除包。

1.3.0.5 包的命名空间 包拥有独立命名空间, 导出的符号可被用户直接调用, 未导出的符号仅供包内部使用。命名空间机制通过 `NAMESPACE` 文件声明导出与导入规则, `::` 与 `:::` 运算符用于访问导出和非导出对象 (后者不推荐常用)。理解搜索路径 (`search()`) 与命名冲突有助于排查加载问题。

1.4 工作空间管理

1.4.0.1 工作空间概念 工作空间 (workspace) 指当前 R 会话中已创建的对象集合 (变量、函数、数据框等)。常见操作包括列出对象、保存与恢复、清理及设置工作目录。

1.4.0.2 常用命令

- `ls()` 或 `objects()`: 列出当前对象。
- `rm(x)`: 删除对象, `rm(list = ls())` 可清空当前会话对象。
- `save(object, file = "file.RData")`、`load("file.RData")`: 持久化与恢复对象。
- `save.image()`: 保存整个工作空间 (生成 .RData)。
- `getwd()`、`setwd()`: 查看与设置工作目录。
- 推荐使用 R 项目 (RStudio 的 .Rproj) 来管理文件与会话, 提升可重现性。

1.5 集成开发环境 RStudio

1.5.0.1 什么是 IDE 集成开发环境 (IDE) 是将编辑器、控制台、调试器、项目管理、包与帮助浏览等功能整合在一起的工具, 旨在提高开发效率与可视化操作体验。

1.5.0.2 RStudio 的主要功能与使用

- 脚本编辑与执行 (逐行或选中运行)、交互控制台。
- 环境/变量窗格、历史记录、文件与包管理面板。
- 可视化输出、绘图浏览与导出功能。
- 调试工具 (断点、`step` 等)、项目支持 (.Rproj)、R Markdown 与交互式文档支持。
- RStudio Server 可在远程服务器上提供基于浏览器的 IDE。

1.6 帮助系统

R 提供多层次帮助：函数级别（?mean 或 help("mean")）、模糊搜索（???"regression" 或 help.search()）、包文档（help(package = "ggplot2")）、示例（example(fun））和详细教程/长文档（vignette("vignette-name", package = "pkg")）。另外 help.start() 可启动本地 HTML 帮助索引。熟练使用帮助系统能显著加速学习与开发。

1.7 R 语言与大数据

1.7.0.1 与大数据平台的集成 R 与大数据生态有多种结合方式：

- 数据库连接：通过 DBI、RMySQL、RPostgres 等与关系型数据库直接交互。
- 分布式计算：sparklyr、SparkR 能将计算下推到 Apache Spark；RHadoop、rhdfs 等可与 Hadoop 生态集成。
- 内存与高性能包：data.table、dplyr 在单机上处理大数据表现优异；bigmemory、ff 提供对超出内存数据的支持。
- 并行计算：parallel、foreach、future 等包支持多核与分布式任务并行化。

1.7.0.2 在数据科学中的角色 R 在数据清洗、统计建模、可视化与快速原型方面具有优势。尽管在极大规模（PB 级）数据处理上常与 Spark、数据库或 Python 互补，但 R 在建模实验、可视化展示与统计推断领域仍然是重要工具。

1.8 小结

本章概述了 R 的起源与演化、安装与运行、包管理、工作空间、RStudio IDE、帮助系统以及 R 与大数据的关系。后续章节将对数据类型、控制结构和函数等主题展开详细介绍。

2 数据类型与运算

2.1 基础知识

2.1.0.1 向量 向量是 R 中最基础的数据结构之一；一个向量包含同一类型的元素（`numeric`、`integer`、`logical`、`character`）。向量支持下标访问（从 1 开始），常见创建方式有 `c(...)`、`seq()`、`rep()`。

2.1.0.2 对象 在 R 中几乎一切都是对象：向量、矩阵、数据框、函数等都是对象，可以赋值给变量并传递给函数。

2.1.0.3 函数 函数是 R 的第一类对象，既有基本函数（如 `sum()`, `mean()`），也可自定义函数（`function(x) { ... }`）。函数参数支持位置与命名传递，可设默认值。

2.1.0.4 标识符与保留字 标识符用于命名对象，必须以字母或点开头（但不能以点后接数字），后续可包含字母、数字、点和下划线。R 有若干保留字（如 `if`, `else`, `for`, `function`, `TRUE`, `FALSE`, `NA`），不能用作变量名。

2.2 数据类型

类型	说明
数值型	<code>numeric / double</code>
整数型	<code>integer</code> （例如使用 <code>1L</code> 表示整数常量）
逻辑型	<code>logical</code> (<code>TRUE / FALSE</code>)
字符型	<code>character</code> （字符串，用双引号或单引号表示）
因子	<code>factor</code> （用于表示分类变量，底层用整数表示并带有标签）

2.2.0.1 基本数据类型

2.2.0.2 变量与常量 变量通过赋值创建（如 `x <- 1` 或 `x = 1`），R 没有语言层面的常量关键字，但可通过约定或包实现只读行为。

符号	含义
<code>NA</code>	缺失值（ <code>missing value</code> ）
<code>NaN</code>	不是数（ <code>not a number</code> ），通常为 <code>0/0</code> 的结果
<code>Inf / -Inf</code>	正/负无穷
<code>NULL</code>	表示空对象

2.2.0.3 特殊值

2.3 基本运算

2.3.0.1 运算符分类

2.3.0.2 索引与子集 R 支持多种索引方式：数字下标（从 1 开始）、逻辑下标、名称下标以及切片。使用 `[]`、`[[]]` 和 `$` 来访问不同层级或字段。

2.3.0.3 示例

优先级	类别	符号	说明
1	幂与一元运算	$^$	幂运算
1	幂与一元运算	$+ \text{ (一元)}$	一元正号
1	幂与一元运算	$- \text{ (一元)}$	一元负号
2	乘除与模	$*$	乘法
2	乘除与模	$/$	除法
2	乘除与模	$\% \%$	取模（返回余数）
2	乘除与模	$\% / \%$	整数除法
3	加减	$+$	加法
3	加减	$-$	减法
4	关系运算	$==$	等于
4	关系运算	$!=$	不等于
4	关系运算	$>$	大于
4	关系运算	$<$	小于
4	关系运算	\geq	大于等于
4	关系运算	\leq	小于等于
5	序列与索引运算	$:$	序列生成运算符
6	元素级逻辑	$\&$	元素级与
6	元素级逻辑	$ $	元素级或
7	短路逻辑	$\&\&$	短路与
7	短路逻辑	$\ $	短路或
8	取反	$!$	逻辑取反
9	赋值	$<-$	左赋值
9	赋值	$=$	赋值（注意上下文差异）
9	赋值	$->$	右赋值
9	赋值	$\ll -$	全局赋值

数据结构	说明
向量（vector）	同质一维数组，最常用的数据结构。
矩阵（matrix）	同质二维数组，可用 <code>matrix()</code> 创建。
数据框（data.frame / tibble）	异质表格型结构，每列可为不同类型，常用于数据分析。
列表（list）	异质的一维容器，可包含任意对象（向量、数据框、函数等）。
因子（factor）	用于表示分类数据，便于统计建模。

操作	例子
创建向量	<code>x <- c(1, 2, 3)</code>
创建数据框	<code>df <- data.frame(a = 1:3, b = c("x", "y", "z"))</code>
子集选择	<code>df[df\$a > 1,]</code> 、 <code>lst[[1]]</code> 、 <code>df\$b</code>

3 程序设计基础

3.1 控制流

3.1.1 顺序结构

程序按照书写顺序逐行执行，这是最基本的执行模型。程序由若干语句组成，语句按顺序依次计算并产生副作用或返回值。

3.1.2 分支结构

用于根据条件选择执行路径。常见形式有‘if’、‘if-else’、‘ifelse()’以及‘switch()’。示例：

```
if (x > 0) {  
  print("positive")  
} else if (x < 0) {  
  print("negative")  
} else {  
  print("zero")  
}
```

3.1.3 循环结构

用于重复执行代码。常见的循环有‘for’、‘while’和‘repeat’。在 R 中优先考虑向量化操作或‘apply’系列以提高性能。示例：

```
for (i in 1:5) {  
  print(i)  
}  
  
i <- 1  
while (i <= 5) {  
  print(i)  
  i <- i + 1  
}
```

3.1.4 选择结构

‘switch()’用于根据一个表达式的值选择多个分支，适合离散的选项分发。逻辑索引用于按条件筛选或赋值，是 R 风格的“选择”操作。

3.2 函数设计

3.2.1 声明、定义与调用

函数用‘function’关键字声明，并通过名称调用：

```
f <- function(x, y = 1) {  
  x + y  
}  
f(2)
```

3.2.2 返回值

函数的返回值为最后一个求值表达式的值，或显式使用‘return()’返回。

3.2.3 函数的输入输出

函数参数支持位置参数、命名参数和默认值。建议为复杂函数写明参数含义并进行输入校验。

3.2.4 环境与范围

R 使用词法作用域（lexical scoping）。函数内部默认访问最近的环境；使用 ‘``<-``’ 可修改外层环境变量，但应谨慎使用以避免副作用。

3.2.5 递归函数

递归函数在函数体内调用自身，适用于分治和递归定义的问题，但需注意终止条件与性能。示例：阶乘

```
fact <- function(n) {  
  if (n <= 1) return(1)  
  n * fact(n - 1)  
}
```

3.3 编程规范与性能优化

3.3.1 使用脚本

把相关代码组织成脚本文件（‘.R’），用 ‘source()’ 加载；项目层面建议使用包结构或 ‘here’/‘rproj’ 管理路径。

3.3.2 编程规范

命名应有一致性（如驼峰或下划线）；写足够注释，避免“魔法数字”；把可复用逻辑封装为函数，添加文档与示例。

3.3.3 性能优化

优先使用向量化操作、预分配存储（如 ‘numeric(n)’）、适当选择数据结构（‘data.table’/‘tibble’），并用 ‘Rprof()’、‘profvis’ 等工具定位瓶颈。示例建议：

```
# 不推荐：在循环中逐步扩展向量  
v <- c()  
for (i in 1:10000) v <- c(v, i)  
  
# 推荐：预分配  
v <- integer(10000)  
for (i in 1:10000) v[i] <- i
```

更多进阶优化包括并行计算（‘parallel’，‘future’）、使用 C/C++ 接口（‘Rcpp’）等。

4 类与对象

4.1 面向对象程序设计方法

4.1.1 结构化程序设计方法的问题

结构化程序设计强调过程和步骤，但在处理复杂系统时容易导致代码耦合、全局状态增多、可维护性差和扩展困难。

4.1.2 对象与类的概念

对象是包含状态（数据）和行为（方法）的实体；类是描述对象结构和行为的模板。通过类可以封装数据和操作，隐藏实现细节。

4.1.3 面向对象程序设计的特点

- 封装：将数据和操作封装在对象中。 - 继承：通过基类扩展新类复用代码。 - 多态：同一接口在不同类中有不同实现。

4.1.4 R 中类的体系

R 支持多种 OOP 系统：非正式的 S3，形式化的 S4，以及引用语义的 Reference Class（和 R6 包提供的现代引用类）。不同系统在类定义、方法分派和数据访问语义上有所区别。

4.2 S3 类

4.2.1 S3 类定义

S3 是一种轻量的面向对象机制，基于在对象上设置 ‘class’ 属性。无需事先声明类。

4.2.2 创建 S3 类对象

示例：

```
person <- list(name = "Alice", age = 30)
class(person) <- "person"
person
```

4.2.3 S3 类的泛型函数

S3 使用基于 ‘UseMethod()’ 的泛型函数分派。例如 ‘print()’、‘summary()’ 是泛型，按对象的 ‘class’ 调用对应方法。

4.2.4 定义 S3 类的方法

通过命名约定 ‘generic.class’ 定义方法：

```
print.person <- function(x, ...) {
  cat("Person:", x$name, "(age", x$age, ")\n")
}
```

4.2.5 编写 S3 类的泛型函数

自定义泛型：

```
greet <- function(x, ...) UseMethod("greet")
greet.person <- function(x, ...) cat("Hello,", x$name, "!\n")
```

4.3 S4 类

4.3.1 S4 类的定义

S4 是更严格的 OOP 系统，要求在创建类前显式声明类和槽（slots），并支持形式化的类检查。

4.3.2 创建 S4 类的对象

定义与实例化示例：

```
setClass("Person",
  slots = list(name = "character", age = "numeric"))
p <- new("Person", name = "Bob", age = 40)
```

4.3.3 访问插槽

使用 '@' 操作符访问 S4 对象的插槽：

```
p@name
p@age <- 41
```

4.3.4 S4 类的泛型函数

S4 使用 'setGeneric()' 和 'setMethod()' 定义泛型和方法，更适合较大项目和包开发。示例：

```
setGeneric("greet", function(x) standardGeneric("greet"))
setMethod("greet", "Person", function(x) cat("Hi,", x@name, "\n"))
```

4.3.5 定义 S4 类的方法

使用 'setMethod()' 为特定类签名添加实现，支持多参数的签名匹配。

4.4 引用类

4.4.1 定义引用类

引用类（Reference Classes）提供引用语义（mutable objects），适用于需要在多个地方共享可变状态的场景。可通过 'setRefClass()' 定义。

4.4.2 创建引用类的对象

示例：

```
Counter <- setRefClass("Counter",
  fields = list(count = "numeric"),
  methods = list(
    increment = function() count <- count + 1,
    get = function() count
  ))
c <- Counter(count = 0)
c$increment()
c$get()
```

4.4.3 访问和修改引用对象的域

通过 '\$' 访问字段与方法，修改字段会改变对象本身（引用语义）。

4.4.4 引用类的方法

方法在类定义中直接声明，使用‘self’或直接引用字段来操作状态。

4.5 继承

4.5.1 S3 类的继承

S3 通过在‘class’属性中指定多个类名实现继承与方法回退，例如‘c(“child”, “parent”)’，泛型会首先查找‘child’方法，再回退到‘parent’。

4.5.2 S4 类的继承

S4 使用‘contains’在‘setClass()’中声明继承关系：

```
setClass("Employee", contains = "Person",
         slots = list(empId = "character"))
```

4.5.3 引用类的继承

Reference Classes 支持通过‘contains’参数继承其他引用类。

4.5.4 多重继承

S4 支持多重继承（多个‘contains’），需要注意潜在的方法冲突与槽名冲突，通常通过明确方法签名解决歧义。

5 数据结构与数据处理

5.1 向量

5.1.1 创建向量

使用 `c()`、`seq()`、`rep()` 等创建向量：

```
x <- c(1, 2, 3)
y <- seq(1, 10, by = 2)
z <- rep(0, times = 5)
```

5.1.2 使用索引访问向量

使用下标访问（从 1 开始）：`x[1]`；逻辑索引和名称索引也可用。

5.1.3 循环补齐

循环中逐步增长向量效率低，推荐预分配或使用向量化操作。

5.1.4 向量比较

对向量进行比较会返回逻辑向量，例如 ‘`x > 0`’。

5.1.5 按条件提取元素

使用逻辑索引提取满足条件的元素：`x[x > 0]`。

5.2 矩阵和数组

5.2.1 创建矩阵

用 `matrix()` 或 `rbind/cbind` 创建矩阵：

```
m <- matrix(1:6, nrow = 2)
```

5.2.2 线性运算

支持矩阵乘法（‘

5.2.3 使用矩阵索引

通过 ‘`[i, j]`’ 访问元素，行/列切片返回矩阵或向量。

5.2.4 Apply 函数族

使用 ‘`apply()`’、‘`rowSums()`’、‘`colMeans()`’ 等对矩阵按维度操作：

```
apply(m, 1, sum) # 每行求和
```

5.2.5 多维数组

使用 ‘`array()`’ 创建多维数组，使用 ‘`[i,j,k]`’ 索引访问。

5.3 数据框

5.3.1 创建数据框

使用 ‘`data.frame()`‘ 或 ‘`tibble::tibble()`‘ 创建数据框：

```
df <- data.frame(a = 1:3, b = c("x", "y", "z"))
```

5.3.2 访问元素

使用 ‘`df$col`‘、‘`df[i, j]`‘、‘`df[“col”]`‘ 访问列和单元格；使用 ‘`subset()`‘ 或 ‘`dplyr`‘ 进行筛选。

5.3.3 使用 SQL 语句查询数据

可用 ‘`sqldf`‘ 包在 R 中对数据框执行 SQL 查询：

```
library(sqldf)
sqldf("select * from df where a > 1")
```

5.4 因子

因子用于表示分类数据，常用于统计建模与绘图；使用 ‘`factor()`‘ 创建并设置水平（`levels`）与标签（`labels`）。

5.5 列表

列表是异质容器，可存放不同类型对象：

```
lst <- list(name = "Alice", scores = c(90, 85))
```

使用 ‘`[[]]`‘ 或 ‘`$`‘ 访问元素。

5.6 数据导入与导出

5.6.1 数据文件的读写

常用函数：`read.csv/read.table`、`write.csv`；现代包：`readr::read_csv`、`readr::write_csv`。

5.6.2 rio 包

‘`rio`‘ 提供简洁的 ‘`import()`‘/‘`export()`‘ 接口，自动识别文件格式，方便常见数据交换。

5.6.3 数据编辑器

可使用 ‘`edit()`‘、‘`utils::View()`‘ 或 RStudio 的数据查看器进行交互式编辑/查看。

5.7 数据清洗

5.7.1 数据排序

使用 ‘`order()`‘、‘`dplyr::arrange()`‘ 对数据排序。

5.7.2 数据清洗的一般方法

- 缺失值处理（删除、填补、插值） - 重编码与类型转换（如将字符转因子） - 重命名列、去重、格式化日期

5.7.3 mice 包

‘mice’ 提供多重插补方法处理缺失数据，适合较复杂的缺失模式分析。

6 绘图和数据可视化

6.1 基本图形和绘图函数

6.1.1 基础图形的创建

使用基础绘图函数 ‘plot()‘, ‘barplot()‘, ‘hist()‘, ‘boxplot()‘ 等创建常见图形。例如:

```
x <- rnorm(100)
plot(x, main = "散点图示例", xlab = "索引", ylab = "值")
hist(x, breaks = 20, main = "直方图")
```

6.1.2 新增绘图窗口

在交互式会话中用 ‘dev.new()‘ (或 RStudio 的绘图窗格) 打开新绘图设备; 也可指定设备类型如 ‘png()‘、‘pdf()‘。

6.1.3 导出图形

使用 ‘png()‘, ‘jpeg()‘, ‘pdf()‘, ‘svg()‘ 等函数将绘图输出到文件:

```
png("figure.png", width = 800, height = 600)
plot(x)
dev.off()
```

6.2 调整绘图参数

6.2.1 自定义特征

通过 ‘par()‘ 设置全局绘图参数 (如边距 ‘mar‘、布局 ‘mfrow‘ 等)。

6.2.2 调整符号与线条

使用参数 ‘pch‘ (点型)、‘cex‘ (大小)、‘lty‘ (线型)、‘lwd‘ (线宽) 自定义样式:

```
plot(x, pch = 19, cex = 0.6)
lines(smooth.spline(x), lty = 2, lwd = 2)
```

6.2.3 调整颜色

使用 ‘col‘ 指定颜色, 可用颜色名、十六进制或 ‘rainbow()‘、‘heat.colors()‘ 等调色函数。

6.2.4 调整标签和标题文本

使用 ‘main‘、‘xlab‘、‘ylab‘、‘cex.main‘、‘cex.lab‘ 控制标题与标签文本大小与内容; 用 ‘mtext()‘ 添加边缘文本。

6.3 其他自定义元素

6.3.1 坐标轴

使用 ‘axis()‘ 自定义刻度与标签, 关闭自动坐标 ‘axes = FALSE‘ 后手动绘制。

6.3.2 次要刻度线

基础绘图没有内建次刻度, 可用 ‘axis()‘ 与 ‘abline()‘ 手动绘制细分刻度线或借助 ‘Hmisc::minor.tick()‘。

6.3.3 网格线

使用 ‘grid()‘ 或 ‘abline()‘ 添加网格线：

```
plot(x)
grid(nx = NULL, ny = NULL)
```

6.3.4 叠加绘图

通过在已有图上使用 ‘points()‘, ‘lines()‘, ‘text()‘ 等函数叠加元素；要保持尺寸比例可使用 ‘par(new = TRUE)‘ 小心覆盖坐标系。

6.3.5 图例

使用 ‘legend()‘ 添加图例，指定位置、符号与颜色：

```
legend("topright", legend = c("数据1", "拟合"), pch = c(1, NA), lty = c(NA, 2))
```

6.3.6 标注

使用 ‘text()‘、‘arrows()‘、‘points()‘ 等添加标注与箭头以突出要点。

6.4 描述性统计图

6.4.1 柱状图

使用 ‘barplot()‘ 绘制分组或堆叠柱状图。

6.4.2 饼图

使用 ‘pie()‘ 绘制饼图（注意：饼图在展示百分比时应谨慎使用）。

6.4.3 直方图

使用 ‘hist()‘ 控制 ‘breaks‘ 与 ‘freq/density‘ 参数显示频数或密度。

6.4.4 箱型图

使用 ‘boxplot()‘ 比较分组分布并检测异常值。

6.4.5 三维绘图

可用基础函数 ‘persp()‘ 绘制三维表面，或使用 ‘scatterplot3d‘/‘rgl‘ 包做交互式三维散点图。

6.5 动态图形

6.5.1 保存 GIF

使用 ‘magick‘ 或 ‘animation‘ 包将多帧图像合成为 GIF，或使用 ‘gifski‘ + ‘png‘ 帧序列。

6.5.2 gganimate 包

gganimate 基于 ggplot2 可创建时间序列动画，典型流程：用 ggplot() 创建静态图，加入 transition_*() 定义帧过渡，最后用 animate() 或 anim_save() 导出。

7 总结

7.1 学习建议

- 从基础数据结构和向量化思想入手
- 熟练掌握 dplyr 与 ggplot2 以提高数据处理效率
- 学会使用包管理与项目化工作流保证可重复性

7.2 扩展阅读

推荐书目与在线资源：CRAN、RStudio 教程、Hadley Wickham 的书籍与资料。