Mục lục tóm tắt các hàm, từ khóa trong ngôn ngữ R

[Introduction 2](#_Toc101543648)

[Getting Data into R 3](#_Toc101543649)

[Accessing Variables and Managing Subsets of Data 6](#_Toc101543650)

[Simple Functions 7](#_Toc101543651)

[An Introduction to Basic Plotting Tools 9](#_Toc101543652)

[Loops and Functions 10](#_Toc101543653)

Tóm tắt các hàm, từ khóa trong ngôn ngữ R

# Introduction

**?**

Công dụng: Truy cập vào phần giải thích hàm hoặc từ khóa đó trong R.

Ví dụ:

>> ?sum

**#**

Công dụng: Dùng để ghi chú cho chương trình nhưng không ảnh hưởng đến kết quả chạy chương trình.

Ví dụ:

>> #Đây là hàm tính tổng

**boxplot**

Công dụng: Vẽ biểu đồ boxplot của tập dữ liệu truyền vào

Ví dụ:

>> boxplot(count ~ spray, data = InsectSprays, col = "lightgray")

**log**

Công dụng: Trả về logarit tự nhiên của tham số truyền vào

Ví dụ:

>> log(2)

**log10**

Công dụng: Trả về logarit thập phân của tham số truyền vào

Ví dụ:

>> log(10)

**library**

Công dụng: Tải và truy cập vào thư viện, gói.

Ví dụ:

>> library(MASS)

**setwd**

Công dụng: Đặt địa chỉ của thư mục mà chương trình làm việc

Ví dụ:

>> setwd ("C:/Users/DELL/Documents/HocNgonNguLapTrinhR/RBook")

**q**

Công dụng: Đóng chương trình

Ví dụ:

>> q()

**citation**

Công dụng: Cung cấp trích dẫn cho gói, thư viện

Ví dụ:

>> citation(“MASS”)

# Getting Data into R

**sum**

Công dụng: Trả về giá trị tổng của danh sách hoặc vector truyền vào

Ví dụ:

>> sum(c(1, 3, 4, 6))

**median**

Công dụng: Trả về giá trị trung vị của danh sách hoặc vector truyền vào

Ví dụ:

>> median(c(1, 3, 4, 6))

**max**

Công dụng: Trả về giá trị lớn nhất của danh sách hoặc vector truyền vào

Ví dụ:

>> max(c(1, 3, 4, 6))

**min**

Công dụng: Trả về giá trị nhỏ nhất của danh sách hoặc vector truyền vào

Ví dụ:

>> min(c(1, 3, 4, 6))

**c**

Công dụng: Trả về một vector các số liệu truyền vào

Ví dụ:

>> c(1, 3, 4, 6)

**cbind**

Công dụng: Trả về một ma trận mới ghép giữa nhiều dữ liệu từ tham số truyền vào theo cột

Ví dụ:

>> a = c(1, 3, 3, 4, 5)

>> b = c(7, 7, 8, 3, 2)

>> cbind(a, b)

**rbind**

Công dụng: Trả về một ma trận mới ghép giữa nhiều dữ liệu từ tham số truyền vào theo hàng

Ví dụ:

>> a = c(1, 3, 3, 4, 5)

>> b = c(7, 7, 8, 3, 2)

>> rbind(a, b)

**vector**

Công dụng: Trả về một vector với độ dài tùy chọn và với kiểu dữ liệu tùy chọn

Ví dụ:

>> vector(“numeric” , 10)

**matrix**

Công dụng: Trả về một ma trận với tùy biến từ các tham số truyền vào

Ví dụ:

>> matrix(1:6, nrow = 3)

**data.frame**

Công dụng: Trả về một data.frame với tùy biến từ các tham số truyền vào

Ví dụ:

>> name = c(“Hân”, “Trung”, “Nhật”, “Quốc”)

>> mark = c(10, 2, 6, 9)

>> data.frame(name, mark)

**list**

Công dụng: Trả về một list các số liệu truyền vào

Ví dụ:

>> list(1, 3, 4, 6)

**rep**

Công dụng: Trả về một bản sao của dữ liệu tham số truyền vào

Ví dụ:

>> a = c(1, 4, 6, 3, 7)

>> rep(a, 2)

**seq**

Công dụng: Trả về một dãy số theo thứ tự với các tùy biến theo tham số truyền vào

Ví dụ:

>> seq(1, 14, 2)

**dim**

Công dụng: Trả về kích thước của tập dữ liệu truyền vào

Ví dụ:

>> a = c(1, 3, 3, 4, 5)

>> b = c(7, 7, 8, 3, 2)

>> x = rbind(a, b)

>> dim(x)

**colnames**

Công dụng: Trả tên về hoặc đặt tên cho cột

Ví dụ:

>> m = cbind(1, 1:4)

>> colnames(m) = c(“X”, “Y”)

**rownames**

Công dụng: Trả tên về hoặc đặt tên cho hàng

Ví dụ:

>> m = cbind(1, 1:4)

>> rownames(m) = c(“a”, “b”, “c”, “d”)

**setwd**

Công dụng: Đặt địa chỉ của thư mục mà chương trình làm việc

Ví dụ:

>> setwd ("C:/Users/DELL/Documents/HocNgonNguLapTrinhR/RBook")

**read.table**

Công dụng: Đọc dữ liệu thừ file và trả về kiểu data frame

Ví dụ:

>> ARK = read.table("Amphibian\_road\_Kills.txt", header = TRUE)

**scan**

Công dụng: Đọc dữ liệu thừ file và trả về kiểu vector hoặc list

Ví dụ:

>> ARK = scan(file = "Amphibian\_road\_Kills.txt”)

# Accessing Variables and Managing Subsets of Data

**write.table**

Công dụng: Tạo ra một file mới với nội dung được truyền vào

Ví dụ:

>> write.table(SquidM, file = "MaleSquid.txt", sep = " ", quote = FALSE, append = FALSE, na = "NA")

**order**

Công dụng: Sắp xếp data.frame theo các yêu cầu được truyền vào

Ví dụ

>> order(Squid$Month)

**merge**

Công dụng: Hợp nhất hai data.frame

Ví dụ

>> Sq1 <- read.table(file = "RBook/squid1.txt", header = TRUE)

>> Sq2 <- read.table(file = "RBook/squid2.txt", header = TRUE)

>> SquidMerged <- merge(Sq1, Sq2, by = "Sample")

**attach**

Công dụng: Tạo các list của các cột trong data.frame với tên là tên của các cột trong data.frame

Ví dụ:

>> attach(Squid)

**str**

Công dụng: Thể hiện nội dung của dữ liệu dưới kiểu object

Ví dụ:

>> str(Squid)

**factor**

Công dụng: Trả về một biến dưới dạng list

Ví dụ:

>> factor(Squid$Location)

# Simple Functions

**sd**

*Công dụng:*

Trả về độ lệch chuẩn của dữ liệu tham số đầu vào

*Ví dụ:*

>> y = c(1,2,4,5,6,7)

>> sd(y)

**length**

*Công dụng:*

Trả về độ dài (số phần tử) của dữ liệu tham số đầu vào

*Ví dụ:*

>> y = c(1,2,4,5,6,7)

>> length(y)

**sumary**

*Công dụng:*

Trả về list gồm trung bình, trung vị, max, min, Q1, Q3 của dữ liệu tham số đầu vào

*Ví dụ:*

>> y = c(1,2,4,5,6,7)

>> summary(y)

**table**

*Công dụng:*

Trả về một bảng tương quan của dữ liệu tham số đầu vào

*Ví dụ:*

>> table(c(1,9,4,6,7,7), c(1,2,5,6,7,7))

**sapply, lapply**

*Công dụng:*

Thực hiện hàm ở tham số đầu vào cho dữ liệu ở tham số đầu vào (sapply trả về dạng hàng còn tapply trả về dạng cột)

*Ví dụ:*

>> sapply(data.frame(cbind(Veg$R, Veg$ROCK, Veg$LITTER, Veg$ML, Veg$BARESOIL)), FUN = mean)

>> lapply(data.frame(cbind(Veg$R, Veg$ROCK, Veg$LITTER, Veg$ML, Veg$BARESOIL)), FUN = mean)

**tapply**

*Công dụng:*

Thực hiện hàm cho một cột trong data.frame với tham số đầu tiên là cột muốn tính và tham số thứ hai là cột phân loại

*Ví dụ:*

>> tapply(iris$Sepal.Length, iris$Species, mean)

# An Introduction to Basic Plotting Tools

**plot**

Công dụng: Dùng để vẽ biểu đồ phân tán (scatter plot)

Ví dụ:

>> plot(cars, main = "Stopping Distance versus Speed")

**lines**

Công dụng: Thêm đường nối vào biều đồ

Ví dụ:

>> lines(stats::lowess(cars))

**order**

Công dụng: Trả về chỉ số trước khi của từng phần tử sau khi sắp xếp

Ví dụ:

>> x = c(1,1,3:1,1:4,3)

>> order(x)

**loess**

Công dụng: Dùng để làm trơn cho dữ liệu từ đó có thể vẽ một đường cong trơn qua một biểu đồ phân tán.

Ví dụ:

>> plot(cars)

>> lines(lowess(cars$speed, cars$dist))

**fitted**

Công dụng: Dự đoán giá trị đầu ra của mô hình hồi quy

Ví dụ:

>> data = data.frame(x1, x2, x3, y)

>> my\_mod = lm(y ~ ., data)

>> fit = fitted(my\_mod)

# Loops and Functions

**jpeg**

Chức năng: Mở một file .jpg

Ví dụ:

>> jpeg(file = ’’AnyName.jpg’’)

**dev.off**

Chức năng: Đóng file .jpg

Ví dụ:

>> dev.off()

**function**

Chức năng: Là từ khóa dùng để tạo hàm mới

Ví dụ

>>  sum <-function(x, y) {return x + y}

**paste**

Chức năng: Ghép các biến lại với nhau

Ví dụ:

>> paste(’’a’’, ’’b’’, sep = ’’ ’’)

**if, if elseif**

Chức năng: Là những từ khóa để tạo câu điều kiện

Ví dụ:

>> if (b > a) {

  print("b is greater than a")

} else if (a == b) {

  print("a and b are equal")

} else {

  print("a is greater than b")

}

**ifelse**

Chức năng: Trả về một trong hai giá trị tùy theo điều kiện đầu vào là TRUE hoặc FALSE

Ví dụ:

>> ifelse(FALSE, 1, 2)