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, fitted**

Công dụng: Dùng để làm trơn cho dữ liệu (loess) trước khi thực hiện hồi quy (fitted) từ đó có thể vẽ một đường cong trơn qua một biểu đồ phân tán.

Ví dụ:

>> plot(cars$dist, cars$speed)

>> fitsp = fitted(loess(speed ~ dist, cars))

>> ord = order(cars$dist)

>> lines(fitsp[ord], x = cars$dist[ord])

# 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)