

R运行环境准备

[返回首页](#) [视频版](#)

以下步骤都是在windows 7虚拟机下完成，安装前系统就是刚刚重装的样子。说实话不这样做我都没发现在安装的过程中会有不少的坑。

1. 下载安装R

R语言官方网站：[r project](#)。从[镜像](#)中选择一个合适的链接下载R软件。

2. 下载安装Rstudio

[r studio](#)

注意有坑：

运行Rstudio之前，需要安装[windows visual C runtime](#)，否则会提示某dll缺失

如果系统之前没有安装过git一类的软件，还需要安装[Rtools包](#)确保可以顺利编译程序

3. 建立工作文件夹

在Rstudio里，File > New Project... >

如果要新建一个全新的工作文件夹在接下来的对话框选择New Directory，如果要使用现有的一个文件夹，使用Existing Directory. 然后选择合适的路径

4. 设置镜像

在Rstudio里，Tools, Global setting, Packages, Primary CRAN repository, Change..., 选择国内的 (China...)镜像

5. 安装bioconductor

参考[bioconductor home > install](#)

在R环境下运行

```
if (!requireNamespace("BiocManager", quietly = TRUE))
  install.packages("BiocManager")
BiocManager::install()
```

6. 设置bioconductor镜像

参考[清华大学开源软件镜像站](#)

找到[.Rprofile](#)，在文末添加：

```
options(BioC_mirror="https://mirrors.tuna.tsinghua.edu.cn/bioconductor")
```

就个人来说，我不确定这个办法在windows能不能work，不过下面这个办法是可以work的：

在R环境中运行：

```
chooseBioCmirror()
```

然后系统会在命令行环境返回一个列表

Secure BioC mirrors

- 1: 0-Bioconductor (World-wide) [https]
- 2: Japan (Tachikawa) [https]
- 3: Japan (Wako) [https]
- 4: Australia (Sydney) [https]
- 5: CRAN ASIA (Korea, Japan and Singapore) (Seoul) [https]
- 6: China (Peking) [https]
- 7: (other mirrors)

这个时候输入6，回车就是国内的镜像了

7.用BiocManager安装包

安装bioconductor的包使用的命令是`BiocManager::install("包的名字")`，比如

`BiocManager::install("GEOquery")`就是安装GEOquery这个包。安装的之前程序会自动更新/安装很多其他的包，在安装开始之前，再次确认R的镜像还有bioconductor的镜像都选择了国内的站点，这样可以让安装快很多

7.建立一个rmarkdown文件

在Rstudio里面，File>New File>R Markdown

首次新建的时候会提示安装依赖包，选择yes进行安装。

预计用时

根据系统性能和网络环境，预计以上工作需要耗时一个小时左右