

---

title: "实验二 生物信息分析环境的搭建" author: "郑骏明" date: "2019/11/9" output: html\_document

## 实验二 生物信息分析环境的搭建

---

### 实验说明

（一）实验类型：综合性 （二）实验目的：1.了解生物信息分析环境的依赖软件。 2.掌握生物信息分析环境的搭建。 （三）实验内容：

1. R 语言的下载和安装。
2. Bioconductor 的下载和安装。
3. Rstudio 运行环境的搭建。
4. 熟悉Rstudio 运行界面，掌握基本操作。
5. R 语言变量的定义。
6. R 语言的基本语法。

### 实验讲解

- [R语言环境的准备](#)
- [（视频）R语言环境的准备](#)
- [R的初级知识](#)
- [实验报告电子文档收集问卷](#)

### 实验项目

#### 一、准备R语言环境

1. 设置R的镜像
2. 设置Bioconductor的镜像
3. 在电脑建立一个项目文件夹，新建一个项目
4. 使用?查看install.package的帮助
5. 使用vignette()查看主题帮助列表
6. 按照[（视频）R语言环境的准备](#)和[R语言环境的准备](#)的说明在自己的电脑上安装R，Rstudio，安装ggplot2（使用install.packages）。安装好BiocManager后安装limma（使用BiocManager::install()）
7. 在纸质实验报告中总结陈述R以及Rstudio环境搭建过程，完成1-6工作后，打开rstudio，载入limma库，给软件截图，在问卷星问卷中上传。

#### 二、熟悉R语言简单操作

- 阅读[R的初级知识](#)
- 实验题1. 按照注释的补全以下代码（\_\_部分），将代码保存为r代码文件，在问卷星问卷中上传。

```
# 计算100除7的商
val1 = 100 __ 7
# 计算5的3次方
```

```
val2 = 5 __ 3
# 今天是周三, 10天以后是星期几?
val3 = 4 __ (10 __ 7)
# 建立向量, 三个元素分别是val1, val2和val3
vect1 = __(__, __, __)
# 输出val1和val2的类型
print(__(val1))
print(__(val2))
# 给vect1添加第四个元素10
vect1 = __(vect1, __)
```

- 请在纸质实验报告**本**中总结陈述建立rmarkdown笔记本的步骤
- 请在纸质实验报告**本**中总结陈述r命令行和r源代码编辑器的不同之处