

R基本操作

2023年9月6日 10:42

getwd() 查看工作目录路径

setwd(dir = '路径')修改工作路径

list.files()显示当前工作路径下的文件

?()或help()查看指定函数的帮助文档

ls()列出已定义的变量

str(x)列出x变量的详细信息

mode(x)列出x的数据类型

ls.str()列出已定义变量的详细信息

rm(x)删除x变量

rm(list = ls())删除所有变量

下载包

.libPaths()查看包的安装路径

library()查看所有安装的包

packageVersion('包名')查看包的版本

1.cran安装

install.packages('包名')

2.Bioconductor安装

install.packages('BiocManager')

library('BiocManager')

BiocManager::install('包名')

(update all/some/none选择n,避免全部更新)

3.Github安装

install.packages('devtools',suggests=T,dep=T)

library(devtools)

devtools::install_github('路径/包名')相应的包去网上搜，会有路径介绍，如CellChat包为

sqjin/CellChat

4.手动安装（不推荐）

● 包的使用

除了基本包以外，备用包和捐赠包都需要用函数library()或require()加载到内存以后才能使用其中的函数或数据集

help(package = '包名')获取所需包的帮助文档

detach('package:包名')移除加载的包

R包的更新

推荐方法：

library(devtools)

install_version("包名", version = "3.2.1",repos = "<http://cran.us.r-project.org>")

(可以搜包的路径，删掉已安装的旧版本包)

备用方法：

```
install_version("E:/ggplot2_3.2.1.tar.gz")
```

R包的卸载

```
remove.packages(c('包名'),lib=file.path(需要删除的R包地址))删除下载的包
```