（1）请改变.Rprofile文件的设置，使得R启动后首先展示类似如下的界面：

C:\Users\Administrator\Documents\WeChat Files\libpku\FileStorage\Temp\1689863007980(1).png

（2）请在Rstudio中设置package的安装镜像源为TUNA（清华大学镜像站）；

（3）请在Rstudio中运行如下一段代码，如果运行过程出错，请自我调试直至运行无误：

|  |
| --- |
| if (!require(REmap)) {  library(devtools)  install\_github("lchiffon/REmap")  }  library(REmap)  map\_for\_province <- function(x) {  data <- data.frame(country = mapNames(x),  value = 5 \* sample(length(mapCList[[x]])) + 200)  out <- remapC(data, maptype = x, color = "skyblue")  return(out)  }  map\_for\_province("sichuan") |

（4）练习并熟练Rstudio的其他基本操作。

（5）查询Bioconductor项目中R包的安装方式，并尝试在本机R环境下安装名为affy的包，检查是否安装成功。