Genomomics2019-Feb-tate

tomohiro tate

2019/2

Rの始め方

Rのインストール

The R Project for Statistical Computing (http://www.r-project.org/ (http://www.r-project.org/)) よりRをダウンロードする。

日本語versionはサイト下方のCRAN mirrorからダウンロードできる。

RStudioのインストール

RStudioを

http://rstudio.org (http://rstudio.org)

よりダウンロード。

起動するとConsole, Workspace, History, Plotなどの画面に分割されている。

画面の配置などはViewのPane Layoutから自身の好み合わせて変更できる。

packageのインストール

Tools > Global Options > Packages

一覧よりダウンロードしたいpackageにチェックを入れ、install packageをクリック。

R Markdown

Rmdファイルを作成

左上のボタンよりR Markdown...を選択。

タイトルなど初期設定をを行い、実行するとファイルが作成される。

画面上部左側のKnitを選択するとファイルが実行される。

R Markdownの使い方

見出し

レベル1

レベル2

###レベル3

徐々に文字が小さくなる。

コードブロック

H *** H

でコードの上下をくくる。

入力したコードがそのまま表示される。

Rのコードは実行されない。

x<-3 y<-5 x+y

コード

" ```{r ...} "

とコードの前に{r...}を挿入。

コードが評価されて、実行される。

x<-3 y<-5 x+y

[1] 8

echo

{r calculation, echo=FALSE} とecho=FALSEでコードを非表示にできる。

eval

{r calculation, eval=FLASE} とeval=FALSEでコードの内容を評価・実行しない。 表示はされる。

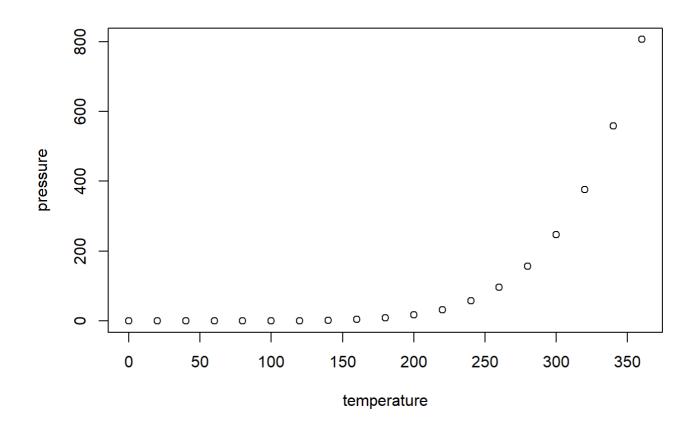
include

{r calculation, include=FLASE} コードをレポートに表示させるかどうか。 include=FALSEでコードをレポートから除外する。 コードは評価される。

plot

plot()関数

plot(pressure)



pchでプロット記号の種類を選択。 colでプロット記号の色を選択。

```
colors()[1:10] # 657種類

## [1] "white" "aliceblue" "antiquewhite" "antiquewhite1"

## [5] "antiquewhite2" "antiquewhite3" "antiquewhite4" "aquamarine"

## [9] "aquamarine1" "aquamarine2"
```

cexでプロット記号のサイズを選択。

その他のグラフ

ヒストグラム -> hist() 箱ひげ図 -> boxplot()

その他の描画関数

ggplot2, manipulate(), lattice()など。

データの保存と読み込み

データの保存: readr package

write_csv(x,path,col_names) write_tsv(x,path,col_names) x: data(dataframe型) path: 保存先のパス

col_names: 列名の付与の有無(TRUE or FALSE)

データの読み込み: data.table package

fread(input,sep,header,data.table)

input:データの保存先のパス

sep:","カンマ区切り or "¥t"タブ区切り

header: 1行目を列名として使うかどうか(TRUE or FALSE)

data.table: データフレームとして読み込むかどうか(TRUE or FALSE)

参考サイト

R-Tips(http://cse.naro.affrc.go.jp/takezawa/r-tips/r.html (http://cse.naro.affrc.go.jp/takezawa/r-tips/r.html)) いろいろなRの基本的なことが載っており有用。

初心者にはとても役にたちました。