用户需要提供drug.csv数据集，列代表每味中药，行代表每个组方，行名称和列名称都必须是英文，列名称可以是herb1~herb200，行名称可以是pre1~pre50，变量取值可以是英文也可以是中文。

设定的路径（代码第2行）：

setwd("C:/Users/Administrator/Desktop/SLE procedures/step1. core drug")

输出的结果都在results里面：

* 代码第37行：

pdf("./results/Figure 1. Distribution chart of high-frequency TCM.pdf", height = 8, width = 14)

代码

* 代码第56行：

write.table(rules\_s,file="./results/strong rules.txt",sep="\t",quote=F,col.names=T,row.names = T)

* 代码第66行：

pdf("./results/Figure 2. strong rules .pdf", height = 8, width = 14)

* 代码第104行

pdf("./results/please choose a best K-value for cluster analysis.pdf", height = 4, width = 12)

* 代码第126行

pdf("./results/Figure 3. best K-value for cluster analysis.pdf", height = 4, width = 12)

* 代码第140行

pdf("./results/Figure 4. Cluster Dendrogram.pdf", height = 10, width = 10)

* 代码第150行

write.table(cmod1,file="./results/core drug.txt",sep="\t",quote=F,col.names=T,row.names = T)

* 代码第160行

pdf("./results/Figure 5.core drug.pdf", height = 8, width = 8)

用户需要根据代码第104-107行：

pdf("./results/please choose a best K-value for cluster analysis.pdf", height = 4, width = 12)

plot\_grid(nb1,nb2,nb3,

nrow=1)

dev.off()

输出的图形，自行选择层次聚类的最佳K值：best\_K（代码第111行），再运行后面的程序

提示：请根据输出的”please choose a best K-value for cluster analysis.pdf”，输入层次聚类的最佳K值，一般在2~10之间，默认值为3