

































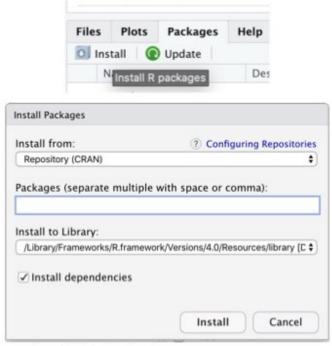




#### Je ne me souviens plus des commandes!

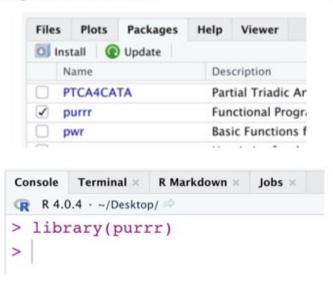


Installation : une seule fois\*



\*sauf quand on doit le faire à nouveau

Chargement: souvent!



> laFonctionQueJeVoulaisUtiliser(42)

# Comment installer des packages depuis...

- · Bioconductor?
  - 1. Installer le package BiocManager depuis le CRAN
  - 2. Exécuter la commande BiocManager::install("le nom du package")
- · GitHub?
  - 1. Installer devtools
  - 2. Exécuter la commande devtools::install github ("username/repository").
- · Du code source?
  - 1. Mettre le source.tar.gz dans son dossier de travail...
  - 2. ou l'inverse.
  - 3. Exécuter la commande install.package("source.tar.gz", repos = NULL, type =
     "source").

# Exercices

# Installez le package du cours

Dans le cadre de ce cours, j'ai créé un package R contenant :

- les slides (html)
- les données fruits (csv, xlsx, et RData)
- des TDs interactifs (html)

Installez ce package avec la commande

```
remotes::install_github(
   "vguillemot/debuter",
   build_vignettes = TRUE
)
```

# Explorez la documentation du package

- 1. Charger le package : library (debuter)
- 2. Regardez l'aide "générale" du package : 060?debuter-package060
- 3. Explorez la première vignette : vignette ("S00programme")
- 4. Accédez à la liste complète des vignettes : browseVignettes ("debuter"), cette interface permet d'accéder au code source (R Markdown et R)...
- 5. ... que vous pouvez également accéder avec la commande : edit (vignette ("S00programme"))

Vous pouvez y accéder sur la page du site, mais ils sont aussi disponibles dans un onglet spécial si vous travaillez avec Rstudio > 1 3

# Les tutoriels!