















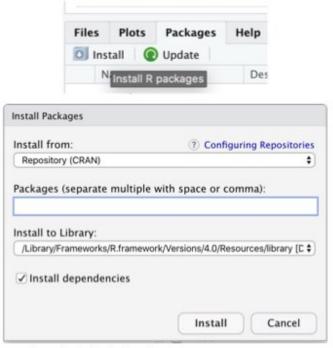




#### Je ne me souviens plus des commandes!

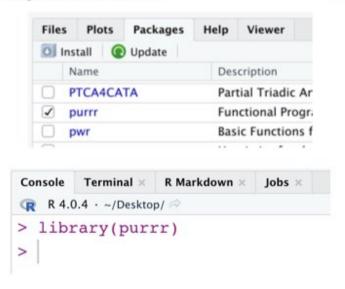


Installation: une seule fois\*



\*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 remotes
  - 2. Exécuter la commande remotes::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)
- les données nutriwi (csv, xlsx, et RData)
- des tutoriels interactifs (html)

Installez ce package avec la commande

```
remotes::install_github(
   "vguillemot/intro2r",
   build_vignettes = TRUE
)
```

## Explorez la documentation du package

- 1. Charger le package : library(intro2r)
- 2. Regardez l'aide "générale" du package : ?intro2r-package
- 3. Explorez la première vignette : vignette ("S00programme")
- 4. Accédez à la liste complète des vignettes : browseVignettes ("intro2r"), 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 de Rstudio si vous travaillez avec Rstudio > 1 3

## Les tutoriels!