

TP avec le logiciel 

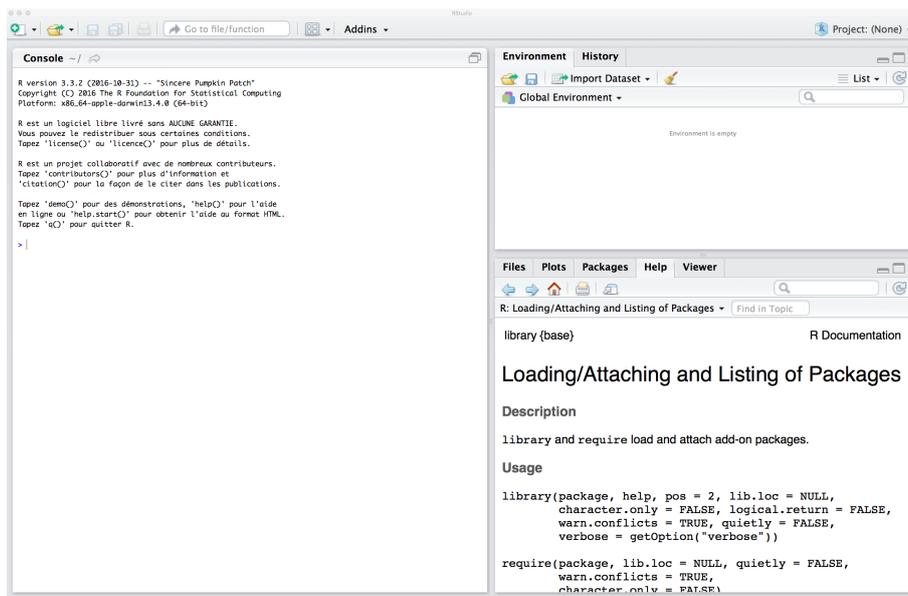
# Prise en main de Rstudio

Sandrine & Hubert CHARLES  
sandrine.charles@univ-lyon1.fr  
hubert.charles@insa-lyon.fr

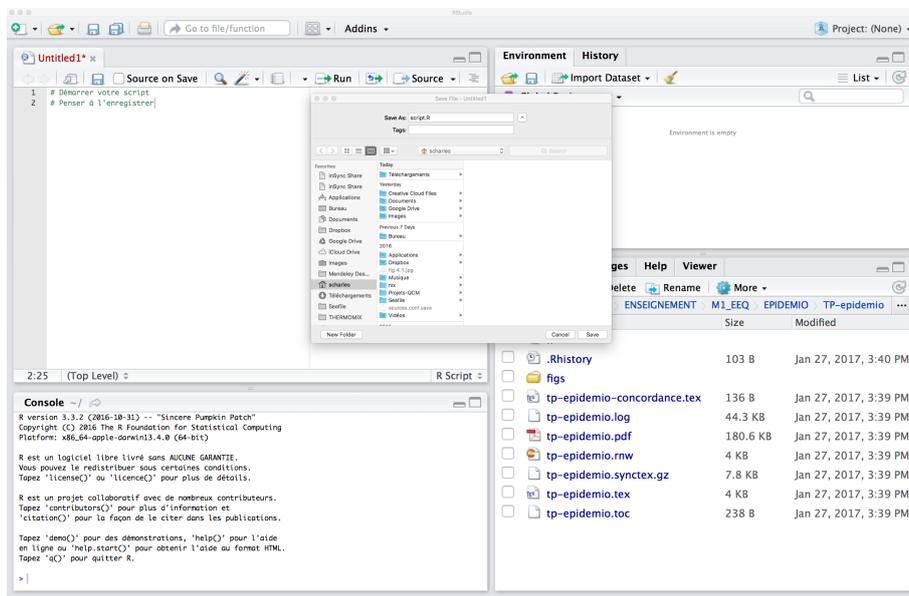
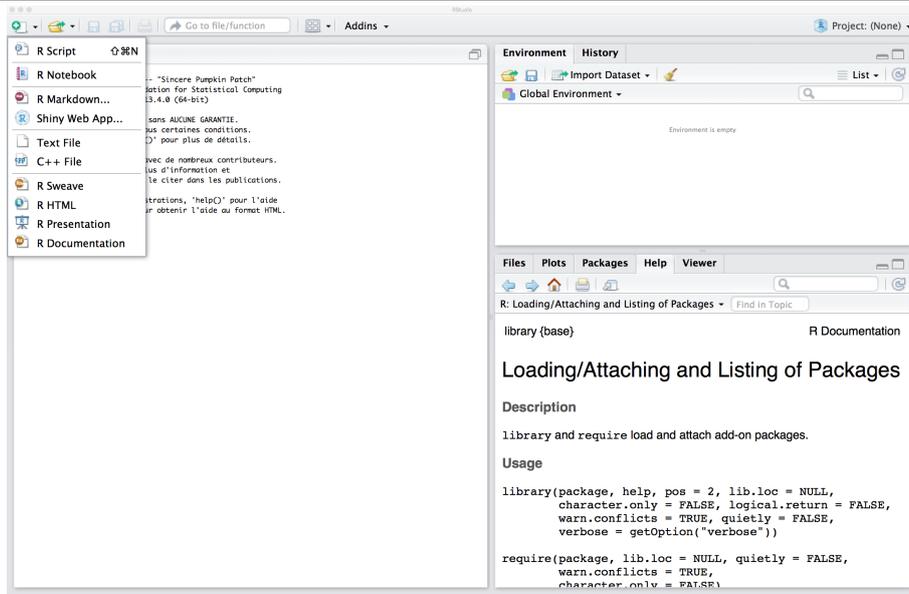
8 avril 2020

## 1 Préambule

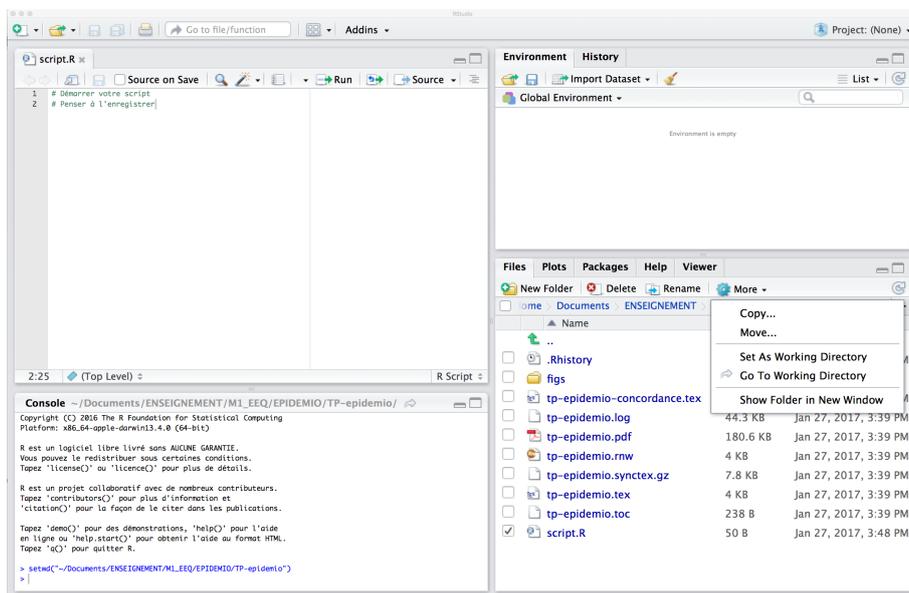
Lancer le logiciel  depuis le menu Applications de votre poste de travail.



Créer un nouveau fichier de type **script** (Menu du haut "Fichier" puis "Nouveau" puis "R script"). Vous y écrirez votre code  et vous l'enregistrerez aussi souvent que nécessaire sous **script.R** dans votre dossier courant de travail.



Déclarez ce dossier de travail comme l'environnement de travail de votre session



La librairie `phaseR` ne fait pas partie de la distribution de base de . Il faut donc d'abord vérifier si elle est installée. Pour cela, retranscrivez la ligne de code ci-dessous dans la partie **Console**, cadran inférieur gauche de  :

```
> library(phaseR)
```

```
Error in library(phaseR) : aucun package nommé 'phaseR' n'est trouvé
```

Si vous recevez le message d'erreur ci-dessus, cela signifie qu'il faut installer la librairie `phaseR` dans votre environnement local de travail. Vous pouvez le faire en ligne de commande dans la partie **Console** :

```
> install.packages("phaseR")
```

ou bien utiliser le menu du haut **Tools** puis `install packages...`, ou alors l'onglet **Packages** cadran inférieur droit de .

Une fois installées, les librairies doivent être appelées pour pouvoir être utilisées dans la session en cours. Retranscrivez la ligne de code ci-dessous dans votre `script`  puis faites tourner avec  :

```
> library(phaseR)
```

Faire de même avec la librairie `nlstools` si vous voulez faire la dernière partie sur les modèles de cinétique enzymatique.