

```

# Initiation à R
# TP4. Lecture de quelques fichiers exemples dans des formats divers.
# fichier XLS.
# conseil : utiliser le fichier XLS uniquement pour la saisie (données brutes) et éviter
les calculs, les analyses dedans.
# afin d'assurer la traçabilité données brutes---->résultats analyses
#####
# Option1 (on vous encourage à cela, au moins pour débiter). Convertir les onglets du
fichier XLS en csv (avec enregistrer sous...)
# => voir le TP4_lecturefichier.r

# Option2 directement à partir d'un fichier xls
# => besoin d'installer une library supplémentaire
#install.packages("xlsx")
library(xlsx)

setwd("C:/R_ITA/")
#setwd("D:/data/R/R_ITA/")

# lecture de l'onglet 1 - stat_enzyme
#data1= read.xlsx("data/stat_enzyme.xls",
#colNames = TRUE, sheet = 1, type = "data.frame", from=4, rowNames = NA, colClasses = NA,
#checkNames = TRUE,
#dateTime = "numeric", naStrings = "-", stringsAsFactors = FALSE)
# read data and save them in a data.frame
statenz_1= read.xlsx("data/stat_enzyme.xlsx", sheetName="stat_enzyme", startRow=4,
header=TRUE, stringsAsFactors = FALSE )
#statenz_1= read.xlsx("data/stat_enzyme.xlsx", sheetIndex=1, startRow=4, header=TRUE,
stringsAsFactors = FALSE )

# show the first lines of the table
head(statenz_1)

# rmq1 : startRow=4 <-> skip=3
# rmq2. pbl de chiffre significatif affiché (moins en passant directement en xls, et je
ne voie pas le réglage

# # lecture de l'onglet 2 - cultivar
statenz_2= read.xlsx("data/stat_enzyme.xlsx", sheetName="cultivar", startRow=1,
header=TRUE, stringsAsFactors = FALSE)
# remplace les valeurs manquante par NA
statenz_2[statenz_2=="-"]=NA
statenz_2$TT_x = as.numeric(statenz_2$TT_x)

# si pertinent, jointure sur les deux onglets/tables:
# rmq1. Essayer de garder précisément les mêmes noms de colonne lors de la conception
des fichiers de saisie (dont majuscule/minuscule/accent)
statenz<-merge(statenz_1, statenz_2, by.x=c("cultivar"),by.y=c("cultivar"))

head(statenz)
str(statenz)

# un premier graphique...
plot(statenz$TT_x, statenz$LOX)

# end of file

```