

Les erreurs affichées sous R et leurs solutions

L'erreur affichée	La solution
Erreur : '\U' non suivi de chiffres hexadécimaux dans la chaîne de caractères débutant ""C:\U"	1- Il faut utiliser ce signe ('/') au lieu de ('\') → Et le problème est résolu. 2- Utilisez ('\\') au lieu de ('\')
Warning message: In readLines(filePath) : ligne finale incomplète trouvée dans 'C:/Users/LENOVO PC/Desktop/essaie.txt'	→ Dans un éditeur, allez à la fin du texte ou bien la dernière ligne et appuyez sur <Entrée> et <enregistrer > le fichier.
Error in Corpus(VectorSource(text)) : impossible de trouver la fonction "Corpus" →	→ Il faut charger au début la librairie « NLP » après la librairie « tm »
La librairie « tm » ne s'installe pas correctement	→ Il est nécessaire d'installer la librairie « NLP » avant « tm » et charger une par une aussi.
Warning message: In tm_map.SimpleCorpus(docs, toSpace, "@") : transformation drops documents	→ C'est un avertissement et non pas une erreur. Cet avertissement n'apparaît que lorsque vous avez un corpus basé sur une VectorSource et aussi lorsque vous utilisez Corpus au lieu de VCorpus.
Error in library(plotly) : aucun package nommé 'plotly' n'est trouvé	install.packages ("plotly")
Le chargement a nécessité le package : ggplot2	install.packages ("ggplot2")
Erreur : package or namespace load failed for 'tidytext' in library.dynam(lib, package, package.lib): La DLL 'rclang' est introuvable : elle n'est peut-être pas installée pour cette architecture ?	- Installer la nouvelle version du R.
Warning: le package 'NLP' est en cours d'utilisation et ne sera pas installé	Ouvrir une nouvelle Console sous R et elle va être installer.
- Le chargement a nécessité le package : RColorBrewer - Le chargement a nécessité le package : usethis	- Nous allons charger au début le package RColorBrewer [library(RColorBrewer)] - Nous allons charger au début le package usethis [library (usethis)]
package 'devtools' is not available (for R version 4.0.0)	- On utilise la méthode Bioconductor ; et c'est la version 3.11 qui marche avec la version 4.0.0 du R. Pour installer les packages principaux, tapez ce qui suit dans une fenêtre de commande R:

	<pre>> if (!requireNamespace("BiocManager", quietly = TRUE)) + install.packages("BiocManager") > BiocManager::install() > BiocManager::install(c("devtools"))</pre>
Error in library(preText) : aucun package nommé 'preText' n'est trouvé	- install.packages("preText")
<pre>> install_github("sentiment", "andrie") Error in parse_repo_spec(repo) : Invalid git repo specification: 'sentiment'</pre>	> install_github('andrie/sentiment')
<p>Attachement du package : 'tm.plugin.webmining' The following object is masked from 'package:base': parse</p>	Le message signifie que les deux paquets (« tm.plugin.webmining » et « base ») ont une fonction avec le même nom. Dans ce cas particulier, la fonctionne est « parse ».
<pre>> filePath <- read.table ("C:/Users/LENOVO PC/Desktop/Les dossiers OSP/Mes Travaux/essaie.txt", header = TRUE, sep = ",", quote= "\"", encoding = "UTF-8" , stringsAsFactors = FALSE, strip.white= TRUE, blank.lines.skip = TRUE) Error in scan(file = file, what = what, sep = sep, quote = quote, dec = dec, : line 1 did not have 2 elements</pre>	<p>➔ Dans ce cas, on va ajouter (fill= TRUE) pour le code .</p> <p>➔</p>
<p>Erreur : package or namespace load failed for 'tm' in loadNamespace(j <- i[[1L]], c(lib.loc, .libPaths()), versionCheck = vI[[j]]): aucun package nommé 'Rcpp' n'est trouvé</p>	> install.packages('Rcpp', dependencies = TRUE)
Error in file(file, "rt") : impossible d'ouvrir la connexion	Changer le chemin vers le fichier en question
Error in str_replace_all(data.corpus, "é", "e") : impossible de trouver la fonction "str_replace_all"	Charger la library stringr, ➔ library (stringr)