

Instruções de Instalação do R e do pacote rSWeeP

Minicurso da ferramenta rSWeeP – método para representação vetorial de sequências biológicas.

Camila P Perico
Escola Paranaense de Bioinformática – 2024

4 de novembro de 2024

1 Linguagem R?

R é uma linguagem de código aberto (open source), gratuito e de distribuição livre. É voltado principalmente para a manipulação e análise de dados, incluindo apresentação gráfica.

O R é uma linguagem de interpretada e de alto nível, não exigindo compilação, o que a torna uma linguagem fácil para implementar. Existe a estrutura básica com as principais funções no R **base**, e demais funções podem ser obtidas a partir da instalação de pacotes adicionais (**packages**).

Os pacotes em geral podem ser obtidos (assim como sua descrição e manuais) no CRAN (<https://cran.r-project.org/>), um repositório geral para pacotes do R. Existe ainda o repositório Bioconductor (<https://bioconductor.org/>), voltado especificamente para armazenar pacotes para bioinformática, tal como o rSWeeP.

O pacote rSWeeP, por exemplo, possui depósito no Bioconductor no link <https://bioconductor.org/packages/devel/bioc/html/rSWeeP.html>.

Abaixo forneço instruções básicas para a instalação do R, do RStudio (IDE gráfica) e pacote rSWeeP. Tente realizar as instalações abaixo, para tornar o minicurso mais proveitoso. Mas fique tranquilo, se tiver qualquer dúvida ou dificuldade durante a instalação do R ou pacote rSWeeP, irei auxiliá-lo durante o minicurso.

2 Instalação do R

Para a instalação do R siga as instruções da página para seu sistema operacional <https://cran-r.c3sl.ufpr.br/>. Será necessário inicialmente a instalação apenas da base do R.

3 RStudio - plataforma gráfica

O RStudio é bastante útil para melhor controle e visualização de projetos. Sua instalação é opcional, mas indicada, pois há a possibilidade de se utilizar apenas o GUI do R, em linhas de comando. Faça o download do RStudio para seu sistema operacional em <https://posit.co/download/rstudio-desktop/>.

4 Instalação da Ferramenta rSWeeP

Abra o R GUI ou RStudio e digite os seguintes comandos. Ele irá instalar o pacote **BiocManager** que permite baixar outros pacotes do Bioconductor.

```
install.packages("BiocManager")
```

Para instalar o rSWeeP versão 1.18.0 (release Bioconductor 3.20)

```
BiocManager::install("rSWeeP")
```

Uma observação. Para conseguir instalar o pacote rSWeeP pelo Bioconductor o R instalado precisa ser da versão 4.4. Quem não tiver a versão atualizada, pode acessar: <https://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/rSWeeP.html> e baixar `rSWeeP_1.18.0.tar.gz` (conforme seu sistema operacional)

1. Instalar pacotes necessários:

```
install.packages(c('foreach', 'doParallel'))
install.packages("BiocManager")
BiocManager::install("Biostrings") # um pouco demorado
```

2. Instalar o rSWeeP

```
install.packages("rSWeeP_1.18.0.tar.gz")
```

Aproveitem para instalar pacotes adicionais que serão utilizados nas atividades práticas

```
install.packages(c("ape", "Rtsne"))
BiocManager::install("ggtree")
BiocManager::install("umap")
```

5 R básico

Aspectos básicos da linguagem R, como sintaxe, operações, tipos e estruturas de dados, importação e exportação de dados e resultados podem ser encontrados na apostila de introdução ao R produzida nas edições anteriores da EPB por alunos do PPG em Bioinformática UFPR.

Para acessá-la, vá em: <https://www.bioinfodiscentes.com.br/cursos-ministrados>

No item **Introdução ao R** clique em **Material no Drive** e baixe a apostila:

APOSTILA_introducao_ao_R.pdf