

# Formas de darle mantenimiento a nuestra instalación de R

Joselyn Chávez  
@josschavezf1

05 Agosto 2020



Este material posee una licencia tipo Creative Commons Attribution-ShareAlike 4.0 International License.

Para conocer más sobre esta licencia, visite  
<http://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>

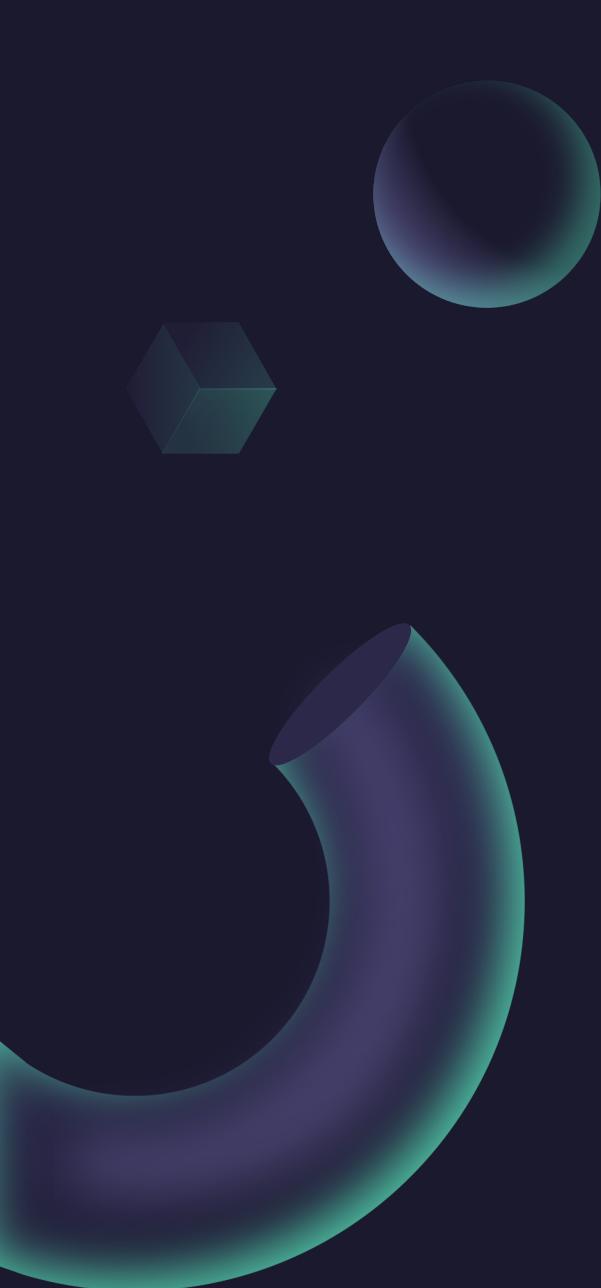
Material disponible en:

<https://github.com/ComunidadBioInfo/cdsb2020>

Basado en el RStudioConf2020 workshop *What They Forgot* disponible en:

[rstd.io/wtf-2020-rsc](https://rstd.io/wtf-2020-rsc)

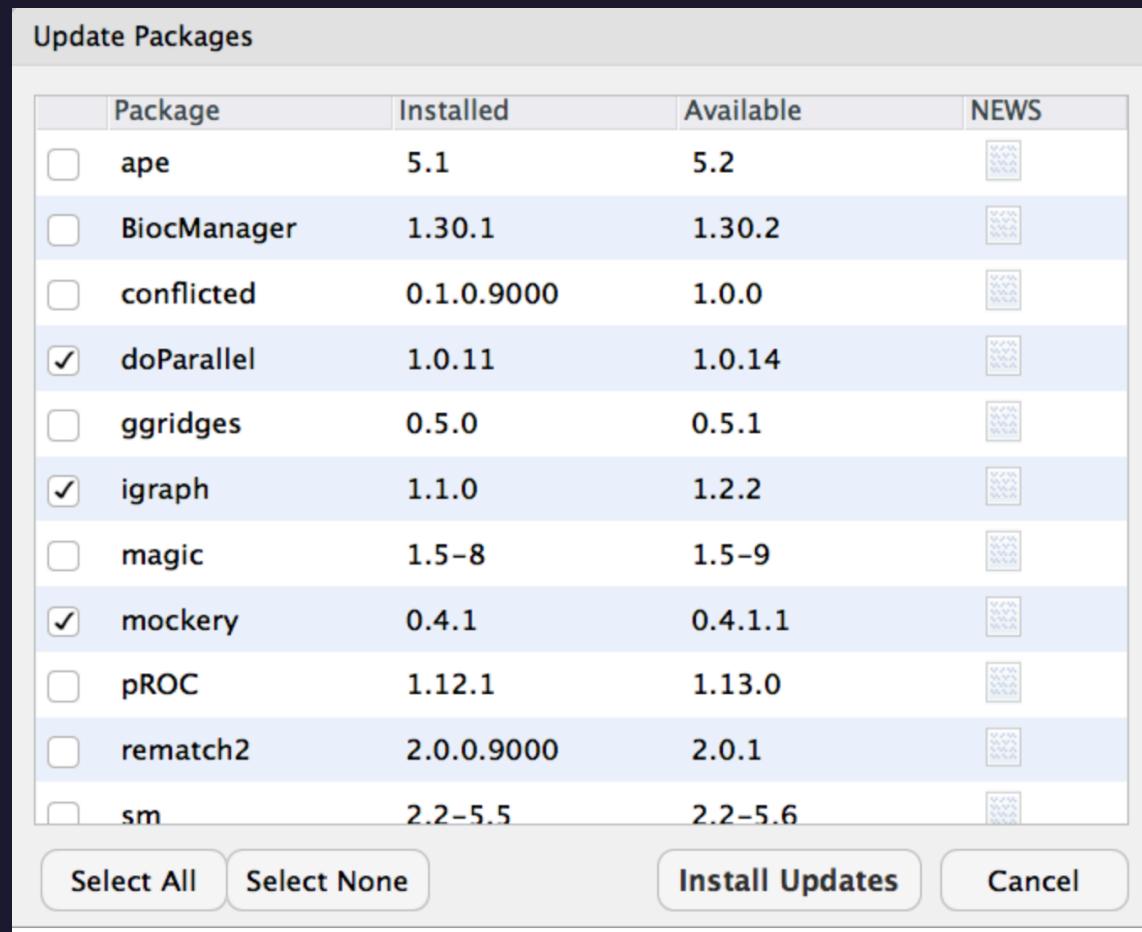
<https://whattheyforgot.org/maintaining-r.html>



Mantener los paquetes  
actualizados

# Actualizar paquetes específicos

Desde Rstudio: Paquetes > Actualizar



Desde la consola:

Para ver los paquetes que requieren actualización:

`old.packages()`

Instalar nuevamente el paquete

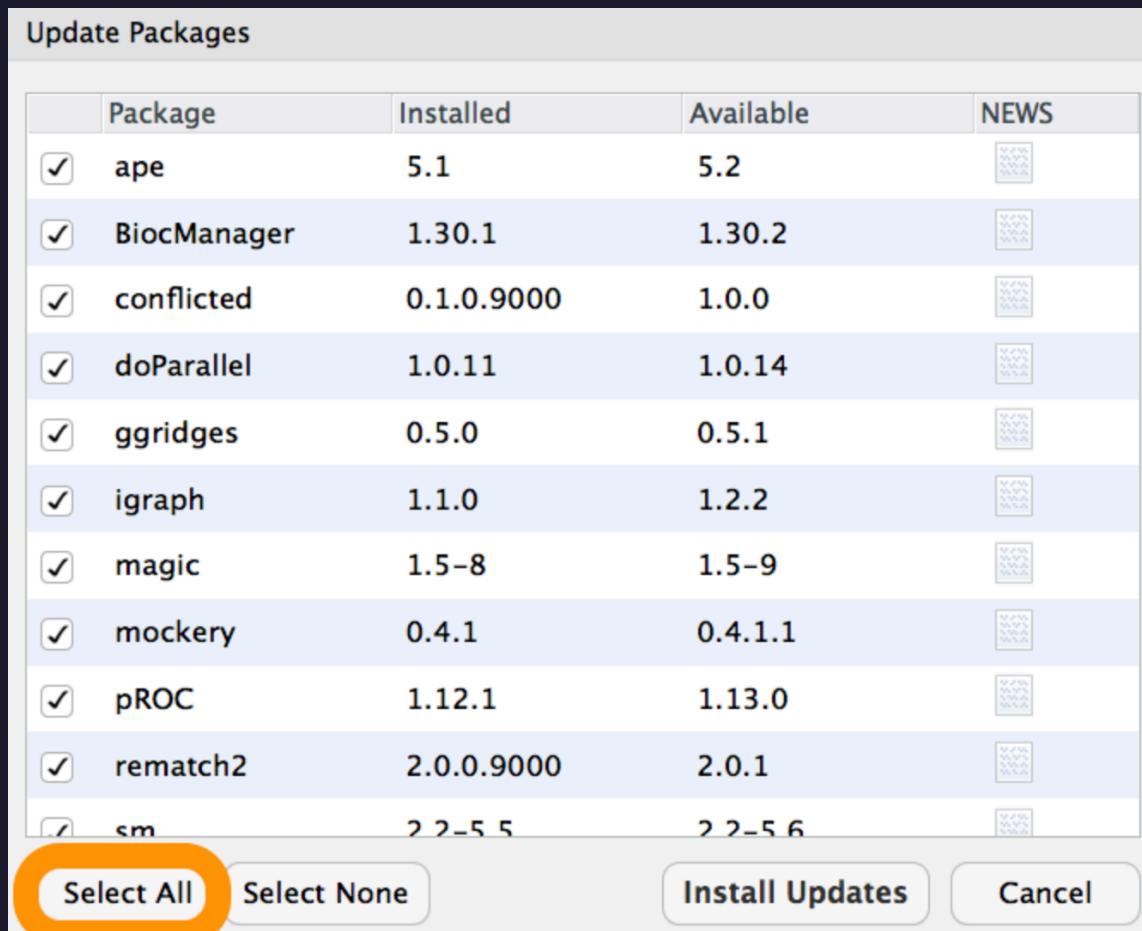
`install.packages("pkgname")`

Usar devtools

`devtools::upgrade_packages("pkgname")`

# Actualizar todos los paquetes

Desde Rstudio: Paquetes > Actualizar > Seleccionar todos



## Usando devtools

`devtools::upgrade_packages(TRUE)`

Esto funciona para los paquetes de CRAN y existentes en  
Github

Para Bioconductor y CRAN podemos usar

`BiocManager::valid()`

# Instalando versiones anteriores de un paquete

Entra a la página del paquete, por ejemplo busca en google

# ‘CRAN devtools’

# Dirígete a la sección ‘Old sources’

# Instalando versiones anteriores de un paquete

Revisa la versión que tienes instalada actualmente

```
packageVersion("devtools")
```

Instala una versión anterior y verifica la instalación

```
devtools::install_version("devtools", "2.0.0")
```

```
packageVersion("devtools")
```

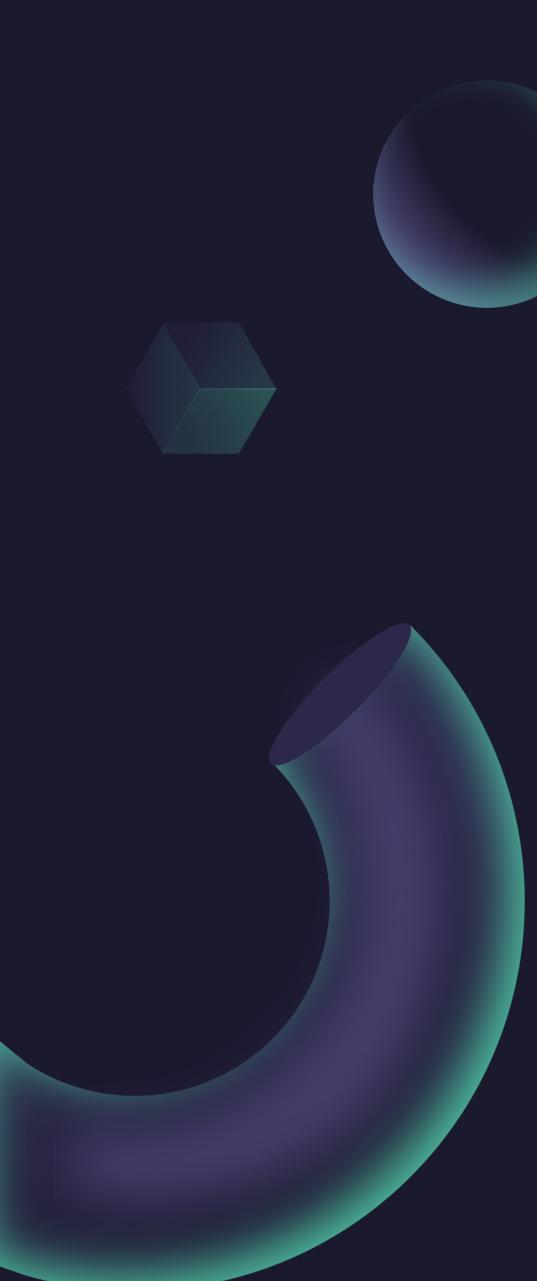
# Hagamos un ejercicio

```
install.packages("usethis")
```

```
library(usethis)
```

```
usethis::use_course("comunidadbioinfo/mantenimiento")
```

Abre el archivo 01\_mantenimiento\_A.R



Transferir los paquetes  
instalados cuando  
actualizamos la versión de R

# Podemos transferir los paquetes instalados entre actualizaciones menores



3.5.0 → 3.5.1



3.4.3 → 3.5.0

# Solución

Busca tu ruta de instalación

```
Sys.getenv("R_LIBS_USER")
```

En MacOS se verá así: R\_LIBS\_USER=~/Library/R/%v/library

En Windows se verá así:

```
R_LIBS_USER=~/R/win-library/x.y
```

Si no cuentas con él, genera un directorio para la version anterior

```
fs::dir_create(Sys.getenv("R_LIBS_USER"))
```

Genera un directorio para la nueva versión, en este caso será la version  
4.1.0

```
fs::dir_create("~/Library/R/4.1/library")
```

Modifica el archivo .Renviron y agrega esta linea  
R\_LIBS\_USER="~/Library/R/4.1/library"

Reinicia tu sesión

# Continuemos con el ejercicio

```
install.packages("usethis")
```

```
library(usethis)
```

```
usethis::use_course("comunidadbioinfo/mantenimiento")
```

Abre el archivo 02\_mantenimiento\_A.R

Para más detalles sobre mantenimiento de nuestro ambiente de R:

<https://rstats.wtf/maintaining-r.html>