

Guía de instalación de R y dependencias para el Trabajo Práctico 4

Biología Celular y Molecular

2022

Instalación de R 4

Para utilizar el lenguaje de programación R debemos tenerlo instalado en nuestro sistema. Si nunca utilizó R en su equipo, entonces debe descargarlo e instalarlo. El código de este trabajo práctico fue probado en la versión de R 4.0. Esto no significa que no vaya a funcionar con versiones anteriores, pero hay más probabilidad de incompatibilidades. Si ya ha utilizado R en su equipo, compruebe que la versión sea al menos más reciente que 4.0. Para chequear su versión de R tipee **version** en la consola y córralo con *Enter*:

```
version

##
## platform      x86_64-w64-mingw32
## arch          x86_64
## os            mingw32
## system        x86_64, mingw32
## status
## major         4
## minor         0.4
## year          2021
## month         02
## day           15
## svn rev       80002
## language      R
## version.string R version 4.0.4 (2021-02-15)
## nickname      Lost Library Book
```

Si su versión de R es < 4 , **o si nunca utilizó R en su equipo**, descargue e instale la versión R 4.0 desde el siguiente link: <https://cran.r-project.org/bin/windows/base/old/4.0.0/> . Cuando haya finalizado la descarga del instalador (R-4.0.0-win.exe) ejecútelo.

Instalación de Rstudio

Para trabajar con R, conviene además instalar un software que nos permita: mejorar la interacción con el código (su lectura y escritura), visualizar resultados (por ej. tablas y gráficos), manejar archivos de trabajo, entre otras funciones. El programa más usado para esto normalmente es Rstudio, y es el que vamos a utilizar por defecto en este trabajo. Para descargar e instalar Rstudio vaya al siguiente link: rstudio.com/products/rstudio/download/ . Descargue e instale la versión gratuita. Si en su equipo se había instalado alguna versión de R anterior a la versión 4, entonces es posible que sea necesario especificarle a Rstudio qué versión debe utilizar. Para ello vaya a la pestaña *Tools / Global options...* En el apartado de *R Sessions* confirme que la versión seleccionada es algo del estilo `C:\Program Files\R\R-4.0.4`. Si está seleccionada una versión anterior a R 4 entonces cámbiela a esta última mediante la opción *Change...*

Instalación de los paquetes

Una vez que tengamos R funcionando, vamos a necesitar instalar una serie de *paquetes* para poder realizar el Trabajo Práctico. En R, los paquetes son conjuntos de herramientas que desarrollaron otras personas y que están a disposición de la comunidad. En este trabajo vamos a usar diferentes paquetes para el *manejo, análisis y visualización* de datos. En particular, vamos a usar muchos paquetes pertenecientes a la familia de *Bioconductor* que, dentro del universo de R, incluye herramientas especializadas para el trabajo con datos de biología molecular (principalmente datos de secuencias). Para usar un paquete en R hay que realizar dos pasos: *instalarlo* (lo cual hacemos una única vez) e *importarlo* al espacio de trabajo de la sesión de R (lo cual repetimos cada vez que abramos el proyecto/script).

Paquetes de Bioconductor

Para instalar todos los paquetes de bioconductor que vamos a usar, primero guardamos sus nombres en un vector (`bioc.p`) usando la función para concatenar elementos (nombres en este caso) `c()`.

```
bioc.p=c("DESeq2", "vsnp", "apeglm", "genefilter", "IHW", "edgeR")
```

Luego descargamos el paquete BiocManager que va a gestionar la instalación de todos estos paquetes de Bioconductor.

```
# primero se instala el paquete BiocManager que usaremos para descargar otros paquetes
# (sí, R es un caos de paquetes)
install.packages("BiocManager")

# descargamos los paquetes que especificamos anteriormente en la lista bioc.p
BiocManager::install(version = "3.12", force = T)
BiocManager::install(bioc.p, force = T)
```

Si la versión de R es < 3.5

En caso de que haya tenido problemas con la actualización de R, y su versión sea menor a 3.5, puede probar las siguientes líneas en vez de las que se corrieron anteriormente.

```
source("https://bioconductor.org/biocManager.R")

BiocInstaller::biocManager(bioc.p)
```

Otros paquetes

Además de las herramientas específicas para trabajar con datos de secuencias, vamos a usar otras que sirven para, por ejemplo, manejar más fácilmente las tablas de datos o generar gráficos elaborados. Nuevamente, definimos una lista de nombres

```
cran.p=c("dplyr", # manipulación de datos
         "tidyr", # manipulación de datos
         "ggplot2", # generación de gráficos
         "pheatmap", # gráficos de mapas de calor
         "RColorBrewer", # paletas de colores para los gráficos
         "PoiClaClu", # cálculo de distancias de Poisson)
```

```
#"glimpca",  
"ggbeeswarm",  
'gridExtra',  
'colorspace')
```

Que instalamos corriendo las siguientes lineas.

```
new.packages=cran.p[!(cran.p %in% installed.packages()[,"Package"])]  
  
if (length(new.packages)>0) {  
  install.packages(new.packages)  
}
```

Si llegó hasta acá sin morir en el intento, felicitaciones! Sobrevivió a la tarea más tediosa y desgastante de la bioinformática, que es la instalación de *cosas*. Ahora sí, ya puede utilizar el código de la guía para seguir el Trabajo Práctico.