# Instalación y carga de los paquetes

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).

## Instalación

### Paquetes de Bioconductor

En función de la versión de R que tengamos instalada el acceso a las bibliotecas de Bioconductor se hace de una u otra manera. Para chequear nuestra versión de R tipeamos version en la consola:

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

En mi caso, la versión es 4.0.4.

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", "vsn", "apeglm", "genefilter", "IHW", "edgeR")

#### Si la versión de R es < 3.5

source("https://bioconductor.org/biocManager.R")  
  
BiocInstaller::biocManager(bioc.p)

#### Si la versión de R es > 3.5

install.packages("BiocManager")  
  
BiocManager::install(version = "3.12", force = T)  
  
BiocManager::install(bioc.p, force = T)

### Otros paquetes

Además de las herramientas específicas para trabajar con datos de secuencias, vamos a usar otras que sirven para, por ejemplo, manejar más facilmente las tablas de datos o generar gráficos elaborados.

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

## importación

Si la instalación de todo funcionó bien (no saltaron Errores), entonces podemos cargar los paquetes en la sesión de trabajo de R actual. A diferencia de la instalación, esta parte hay que correrla cada vez que abramos una nueva sesión en R.1

bioc.p=c("DESeq2", "vsn", "apeglm", "genefilter", "IHW", "edgeR")  
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  
 #"glmpca",  
 "ggbeeswarm")  
  
lapply(c(cran.p, bioc.p), # para cada nombre de la lista de paquetes instalados...  
 require, # aplicar la función "require" para importarlo  
 character.only = TRUE) # (ignorar este argumento, es para las mañas de R)