

## Exercício 3: Praticando a Instalação de Pacotes para Análises Biológicas

### Objetivo

Este exercício irá ajudá-lo(a) a adquirir familiaridade com a instalação de pacotes em R. Você aprenderá a:

1. Instalar pacotes a partir do CRAN.
2. Utilizar o Bioconductor para pacotes especializados em dados biológicos.
3. Instalar pacotes diretamente do GitHub para análises filogenéticas.

### Instruções

#### Parte 1: Instalando Pacotes do CRAN

**1. Abra seu R ou RStudio.**

**2. Instale os pacotes abaixo do CRAN:**

- `tidyverse`: Para manipulação e visualização de dados.
- `vegan`: Para análises de diversidade ecológica.

**Tarefa:**

- Verifique se os pacotes foram instalados corretamente utilizando o comando:

```
```R
library(tidyverse)
library(vegan)
```
```

#### Parte 2: Instalando Pacotes do Bioconductor

**1. Instale o pacote `BiocManager` (caso ainda não esteja instalado):**

```
```R
if (!requireNamespace("BiocManager", quietly = TRUE)) {
  install.packages("BiocManager")
}
```
```

**2. Usando `BiocManager`, instale os seguintes pacotes:**

- `DESeq2`: Para análise de expressão diferencial de RNA-Seq.
- `phyloseq`: Para análise de microbiomas e dados filogenéticos.

**Tarefa:**

- Carregue os pacotes para confirmar a instalação:

```
```R
library(DESeq2)
```

```
library(phyloseq)
...
```

### Parte 3: Instalando Pacotes do GitHub

#### 1. Instale o pacote `remotes` (caso ainda não esteja disponível):

```
```R
if (!requireNamespace("remotes", quietly = TRUE)) {
  install.packages("remotes")
}
...`
```

#### 2. Usando o pacote `remotes`, instale os pacotes do GitHub:

- `ggtree`: Para visualização de árvores filogenéticas.

```
```R
remotes::install_github("GuangchuangYu/ggtree")
...`
```

#### Tarefa:

- Carregue o pacote para verificar a instalação:

```
```R
library(ggtree)
...`
```

### Parte 4: Relatório Final

#### 1. Crie um pequeno script em R que:

- Carregue os pacotes instalados.  
- Exiba uma mensagem confirmando que todos os pacotes foram carregados com sucesso.

- Exemplo:

```
```R
if (all(sapply(c("tidyverse", "vegan", "DESeq2", "phyloseq",
"ggtree"), requireNamespace, quietly = TRUE))) {
  cat("Todos os pacotes foram instalados e carregados com
sucesso!\n")
} else {
  cat("Alguns pacotes não foram instalados corretamente.\n")
}
...`
```

### Critérios de Avaliação

- **Completo:** Todos os pacotes foram instalados corretamente?
- **Execução:** Os pacotes foram carregados sem erros?
- **Código:** O script final funciona corretamente e exibe a mensagem de confirmação?