

# Curso Básico R - parte1

Daniel Enriquez-Vera

2023-12-28

# Repositorios

- ▶ R tiene muy pocas herramientas para análisis científico.
- ▶ Es posible personalizar mediante la instalación de paquetes.
- ▶ Los paquetes se encuentran disponibles en repositorios de código abierto.
- ▶ En RStudio es posible instalar paquetes en el menú inferior Packages>Install Packages

*#Estructura básica*

```
install.packages("NombrePaquete")  
install.packages(pkgs=c("Pkg1", "Pkg2", "Pkg3"),  
                  dependencies = "Imports")  
getOption("repos") #Mostrar repositorios
```

Luego de instalar es necesario **activar** el paquete a usar.

```
library("NombrePaquete")  
update.packages(ask=FALSE) #actualizar paquetes
```

# Instalar desde Github/Bioconductor

- Es necesario tener devtools para instalar desde Github.

```
if(! "devtools" %in% installed.packages())  
  {install.packages("devtools")}  
devtools::install_github("paquete_de_github")
```

- Bioconductor: Análisis de data genómica

```
if (!requireNamespace("BiocManager"))  
  install.packages("BiocManager")  
BiocManager::install(pkgs=c("pkg1", "pkg2"))  
?BiocManager::install() #Actualizar paquetes  
#Biocmanager  
if (!requireNamespace("BiocManager"))  
  install.packages("BiocManager")
```