

Requisitos software seminario "Análisis de datos reproducible con R: Herramientas y ejemplos para ciencias de la salud"

1. Instalar una versión reciente de R (versión 3.5 o superior).

<https://www.r-bloggers.com/2019/12/how-to-install-r-and-rstudio/>.

2. Instalar una versión reciente de RStudio.

<https://www.rstudio.com/products/rstudio/download/> (elige *RStudio Desktop Free*).

3. Para los ejemplos 0, 1 y 2, debes instalar los siguientes paquetes de R:

- tidyverse .
- egg .
- knitr .
- GGally .
- Hmisc .
- HSAUR3 .

Puedes usar RStudio (pestaña *Packages* en el panel inferior derecho), o bien ejecutar el comando:

```
install.packages("name-of-package")
```

4. Para el documento de ejemplo 2, los paquetes necesarios son:

- Hmisc .
- dplyr .
- tidyr .
- ggplot2 .
- egg .
- GGally .
- ISLR .
- car .
- DMwR2v .
- faraway .
- mlbench .
- knitr .
- kableExtra .
- htmltools .
- bsplus .
- RColorBrewer .

5. Para ejecutar los ejemplos que producen resultados en LaTeX una opción muy buena es instalar una distribución de pequeño tamaño llamada TinyTeX: <https://bookdown.org/yihui/rmarkdown-cookbook/install-latex.html>

En particular, su instalación no requiere privilegios de administrador en el equipo.

6. Todos los materiales para replicar los ejemplos del seminario están incluidos en la carpeta `examples` .
7. Los archivos de datos externos a paquetes de R están incluidos en la carpeta `examples/data` .
8. Los archivos de gráficos que se integran en algunos documentos están en la carpeta `examples/figs` .