# Instalación de herramientas necesarias para el curso Genómica de la Biodiversidad (Nov. 22-26 2021)

# Índice

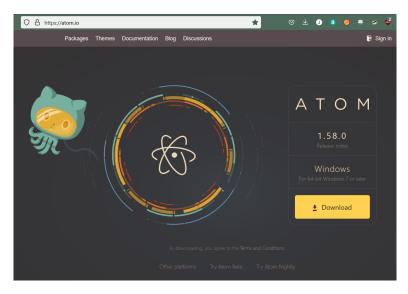
1.	Editor de texto 🕸	2
2.	Emulador de terminal >_	2
	2.1. Si eres usuario de Linux $\Delta$ o macOS $\clubsuit$	2
	2.2. Si eres usuario de Windows	3
	2.2.1. Usando Git Bash SDK e instalando otras herramientas	
	de Unix	5
3.	Análisis estadístico 🍳	6
	3.1. Instala $\mathbf{Q}$ base	6
	3.2. Instala RStudio	7
4.	Comunicación #	8

¡Hola! gracias por inscribirte en nuestro curso. A continuación encuentras una lista de herramientas que usarás a lo largo del curso para trabajar en las actividades propuestas. Por favor asegúrate de que estén instaladas y sean funcionales en tu computador. Este documento contiene algunas instrucciones pero no es un manual detallado; sigue las instrucciones de cada instalador. Si tienes dudas o comentarios sobre estas herramientas puedes contactarnos en los correos juan.enciso@urosario.edu.co ó andrea.tonolli@urosario.edu.co

# 1. Editor de texto **3**

Existen muchas opciones de editores de texto con funcionalidades muy útiles. Sugerimos instalar Atom porque funciona muy bien en diferentes plataformas y tiene funcionalidades que necesitamos en este curso y que son fáciles de activar.

Ingresa al sitio web de Atom y descarga el instalador correspondiente a tu sistema operativo.



Página web de Atom

Asegúrate de descargarlo en una ruta conocida desde donde lo puedas ejecutar e instálalo siguiendo los pasos que te muestra el asistente de instalación.

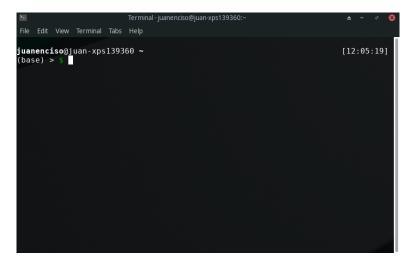
Tras instalarlo asegúrate de que puedes ejecutarlo y de que puedes usar el editor de texto.

# 2. Emulador de terminal >\_

## 2.1. Si eres usuario de Linux 🐧 o macOS 🗯

En este caso tu sistema operativo ya incluye una aplicación de emulador de terminal de Unix que funciona para nuestro curso. En el buscador de tu sistema o en tu directorio de aplicaciones busca y ejecuta la aplicación Terminal.

Debe abrirse una ventana como esta:



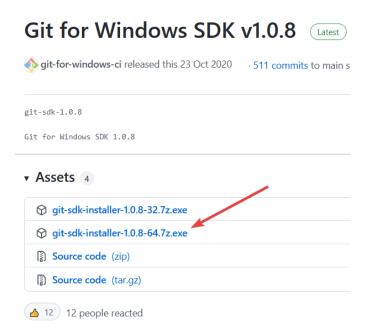
Ventana de emulador de terminal

Si es así, estás listo con este punto. Si no, comunícate con nosotros para discutir detalles sobre tu emulador de terminal.

## 2.2. Si eres usuario de Windows

En este caso tu sistema no incluye por defecto una aplicación emulador de terminal que funcione con Unix. Hay varias herramientas que pueden ayudarnos en este caso, recomendamos instalar Git Bash SDK.

Para instalar esta herramienta ve a la página https://github.com/git-for-windows/build-extra/releases/tag/git-sdk-1.0.8 y descarga la versión correspondiente con la arquitectura de tu computador. La arquitectura de la mayoría de procesadores modernos es de 64 bits, es probable que la de tu computador también lo sea. **Atención:** Es importante que instales **Git Bash SDK** y no **Git Bash** plano; existen diferencias importantes entre las dos.



Opciones de descarga de Git Bash SDK

Luego de descargar ejecuta el archivo y sigue las instrucciones de instalación. Si activaste la opción de ícono de escritorio durante la instalación deberías ver este ícono nuevo en tu escritorio de Windows.



Ícono de escritorio Git Bash SDK

Verifica que al ejecutar Git Bash SDK aparezca una ventana de emulador de

terminal como la que muestra la imagen.

```
SDK-64:/

Welcome to the Git for Windows SDK!

The common tasks are automated via the 'sdk' function;
See 'sdk help' for details.

juand@LAPTOP-N45NJQJM MINGW64 / (main)
$
```

Ventana de Git Bash

# 2.2.1. Usando Git Bash SDK e instalando otras herramientas de Unix

Una vez instalado Git Bash SDK podemos instalar algunas herramientas necesarias para el desarrollo de nuestro curso usando la línea de comandos. Git Bash SDK incluye una herramienta para manejar la instalación de paquetes llamada pacman. Vamos a instalar una herramienta llamada wget, que sirve para descargar datos desde internet en la línea de comandos.

Para instalar wget usando pacman escribimos:

```
pacman -S wget
```

Cuiando termines de instalar wget verás algo como esto:

```
Juand@LAPTOP-N45NJQJM MINGW64 / (main)
$ pacman -S wget
resolving dependencies...
looking for conflicting packages...

Packages (1) wget-1.21.2-1

Total Download Size: 0.71 MiB
Total Installed Size: 3.06 MiB

:: Proceed with installation? [Y/n] Y
warning: no /var/cache/pacman/pkg/ cache exists, creating...
:: Retrieving packages...
wget-1.21.2-1-x86_64
(1/1) checking keys in keyring
(1/1) checking package integrity
(1/1) locking package files
(1/1) checking for file conflicts
(1/1) checking available disk space
:: Processing package changes...
(1/1) installing wget
Optional dependencies for wget
ca-certificates: HTTPS downloads [installed]
:: Running post-transaction hooks...
(1/1) Updating the info directory file...
```

Instalando wget con la línea de comando

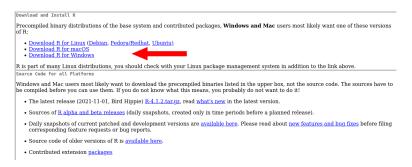
Si todo salió bien entonces estás listo para trabajar con la línea de comando de Unix desde Windows.

## 3. Análisis estadístico **Q**

Utilizaremos R para analizar los datos que resulten de nuestro trabajo con genómica. Sugerimos usar RStudio para poder trabajar más fácilmente con R. Instalaremos R base y RStudio (si no los tienes ya en tu computador). Sugerimos una versión de R que sea 4.0 o más reciente para poder asegurar la compatibilidad de los paquetes que usaremos. Si tienes una versión de R anterior a 4.0 sugerimos que la actualices a la última versión. Esto solo es necesario para R base, no para RStudio.

### 3.1. Instala **Q** base

Ve a la página web del repositorio central de R y busca la versión correspondiente a tu sistema operativo en la sección Download and Install R.

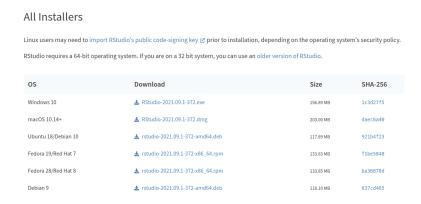


Página de descarga de R base

Descarga el archivo ejecutable apropiado y ejecútalo. Asegúrate de que R base queda bien instalado buscando el programa en tu computador y ejecutándolo.

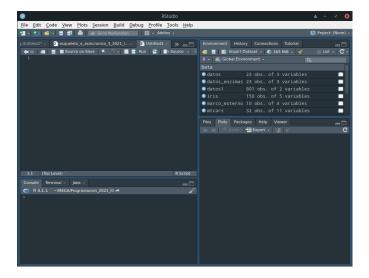
### 3.2. Instala RStudio

Después de tener R base podemos instalar RStudio. Ve a la página de descargas de RStudio y encuentra la versión correspondiente a tu sistema operativo. Descárgala e instálala según las instrucciones del asistente de instalación.



Página de descarga de RStudio

Después de completar la instalación ejecuta RStudio, debe aparecer una interfaz parecida a esta.



Interfaz de usuario de RStudio

# 4. Comunicación \*

Es útil mantenernos comunicados durante el desarrollo del curso para poder atender los requerimientos y dudas de los estudiantes. Esto podemos hacerlo por medio del correo electrónico pero a veces será necesario compartir piezas de código con un formato adecuado para poderlas entender fácilmente. Slack es una herramienta que permite el trabajo colaborativo facilitando, entre otras cosas, el compartir archivos y snippets de código.

Este es el canal de slack del curso. Debes unirte al canal siguiendo los pasos que encuentras en este enlace. **Aclaración importante:** Aunque existen aplicaciones de slack para diferentes sistemas, no es necesario que descargues la aplicación en tus dispositivos. Basta con que te unas al canal usando la interfaz disponible en web usando tu navegador.