Instalación del ambiente de trabajo Python para el curso

Para ejecutar, modificar y analizar el código que vamos a ver en el curso necesitamos dos herramientas: miniconda y alguna forma de acceder a repositorios en github.

Miniconda

Para el curso pueden usar cualquier IDE que permita trabajar con Python. Yo voy a usar Jupyterlab porque se adapta bien a la dinámica del curso. Para el trabajo de rutina, una muy buena alternativa es Visual Studio Code (vscode), que también permite usar notebooks al estilo Jupyter.

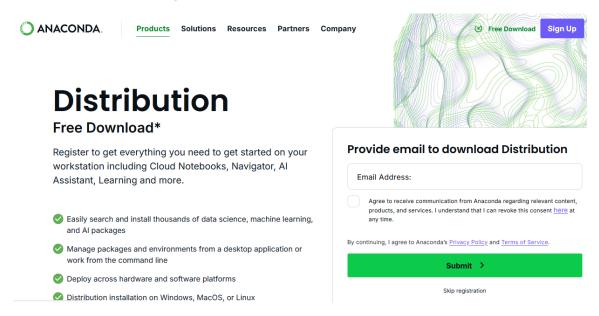
Anaconda produce dos herramientas, anaconda y miniconda, que están disponibles para Windows, Linux y Mac OS y que incluyen Python, Jupyter, Jupyterlab, y en el caso de anaconda agrega, además, una serie de paquetes para análisis de datos.

A continuación les muestro como instalar miniconda en Windows, que les va a permitir tener Python, Jupyter y Jupyterlab disponible.

Para iniciar la instalación, abran el link que sigue:

https://www.anaconda.com/download

Y van a aaceder a esta página:



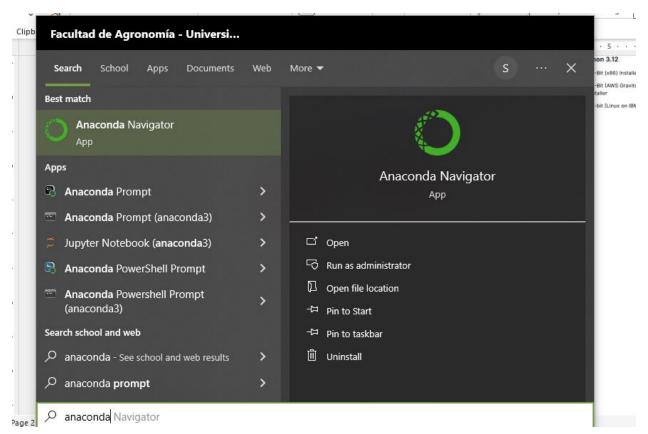
Pueden registrarse o no. Si se registran, van a recibir un link por mail para descargar el software. Si no se registran, van directo a la página de descarga.

Una vez que están en la página de descarga, hay que seleccionar la distribución que nos interesa, miniconda, que aparece más abajo en la página:

Miniconda Installers



Una vez que instalan el programa, si escriben Anaconda en la barra de búsqueda de Windows, van a aparecer varias entradas. Seleccionen "Anaconda Prompt"



En la ventana de comandos que se abre ingresen este comando:

jupyter lab

Si aparece um mensaje diciendo que esa opción no está disponible, ejecuten este otro comando:

conda install anaconda-navigator

En forma opcional pueden instalar el Anaconda Navigator y ejecutar:

```
conda install -c conda-forge jupyterlab
anaconda-navigator
```

El segundo comando se va a demorar. El "Anaconda Navigator" es un administrador gráfico de los recursos que puede manejar Anaconda.

Finalmente, aprovechemos para instalar una biblioteca que usaremos a lo largo del curso, biopython:

```
conda install conda-forge::biopython
```

Github

Opcional, pero recomendado.

Los materiales del curso están disponibles como un repositorio en GitHub (https://github.com/). Pueden descargar estos materiales en formato zip sin necesidad de instalar ningún programa o aplicación para acceder a GitHub.

Git es un protocolo para compartir y actualizar software en forma sincronizada y colaborativa. GitHub es una empresa adquirida por Microsoft que da acceso a los servicios del protocolo Git sin necesidad de que cada uno tenga que instalar y mantener un servidor Git accesible desde internet. Una cantidad importante de los recursos que ofrece GitHub son gratuitos y se ha transformado casi en un estándar para compartir código. Por ejemplo, van a encontrar muchos papers en bioinformática que comparten el software via GitHub.

En la medida que quieran compartir código, por ejemplo, para un paper o una tesis, o quieran acceder a código de otros, les va a resultar práctico aprender a usar Git. Existen diferentes herramientas para lograr esto. Para quienes recién empiezan, una buena opción para trabajar con Git utilizando los recursos de GitHub es la aplicación GitHub Desktop (https://github.com/apps/desktop). Una vez que la tienen instalada pueden "clonar" los materiales del curso https://github.com/marcelosoria/bioinformatica_python) y asegurarse que siempre tiene la última versión del curso o crear un "fork" propio (un proyecto derivado, independiente).

Existen varias formas de subir o descargar código de Github. La forma usual cuando uno ya tiene experiencia con Github es usar la línea de comandos (en cualquier sistema operativo). Pero hay interfases gráficas que son muy convenientes cuando uno no es un usuario frecuente de github. Una interfaz conveniente es <u>Github Desktop</u>.