

Instalación de Paquetes

Angela Di Serio

2023-11-21

Contents

Instalación desde CRAN	1
Instalación desde menú de RStudio	2
Instalación desde GitHub o GitLab	2
Instalación desde Bioconductor	3

Un paquete R es una librería de funciones que han sido desarrolladas para cubrir algunas necesidades o métodos científicos específicos que no están implementados en R base. Las funciones que R proporciona por defecto son limitadas, por lo que es fundamental conocer cómo instalar nuevos paquetes en R.

Instalación desde CRAN

Comprehensive R Archive Network (CRAN) es el repositorio oficial de paquetes de R, con miles de paquetes de R disponibles gratuitamente. La mayoría de ellos han sido desarrollados por científicos de datos, estadísticos, profesores e investigadores.

Es necesario conocer el nombre del paquete a instalar. Una búsqueda en Google puede ser de ayuda para encontrar paquetes disponibles para un tema en particular: “paquete de gráficos R” o “paquete R para series temporales”. También podemos utilizar CRAN TASK VIEWS, donde encontramos los paquetes de R más relevantes por tema.

Cualquier paquete disponible en CRAN se puede instalar con la función `install.packages()` indicando el nombre del paquete entre comillas.

```
install.packages("dplyr")
```

En el ejemplo, el comando instalará el paquete `dplyr` y todas sus dependencias, es decir, todos los paquetes que son necesarios para su funcionamiento.

Después de la instalación, debemos cargar el paquete para poder acceder a sus funciones. Para ello, se utiliza la función `library()`, especificando el nombre del paquete con o sin comillas.

```
library("dplyr")
```

Una vez cargado el paquete, se puede usar `?` o la función `help()` con el nombre del paquete o el nombre de cualquier función para obtener su documentación.

Instalación desde menú de RStudio

Alternativamente, se pueden instalar paquetes R desde el menú de RStudio.

En RStudio, seleccionar **Tools → Install Packages..** y **Repositorio (CRAN)** e indicar los paquetes a instalar. Es recomendable marcar la opción de **Install dependencies**.

Instalación desde GitHub o GitLab

Github es un repositorio de proyectos de software en línea de propósito general y es muy adecuado para el desarrollo de paquetes R.

Para instalar un paquete desde Gtihub, se puede usar la función `install_github()` del paquete `devtools`. Por tanto, es necesario instalar `devtools`.

```
install.packages("devtools")
library("devtools")
```

Usamos la función `install_github()` indicando “`nombre_cuenta/nombre_repositorio`” como argumento para instalar el paquete R desde GitHub.

```
install_github("UCLouvain-CBIO/rWSBIM1207")
```

También es posible hacerlo sin cargar el paquete `devtools` en memoria usando `devtools::install()`.

```
devtools::install_github("UCLouvain-CBIO/rWSBIM1207")
```

Instalación desde Bioconductor

Bioconductor es un proyecto dedicado a paquetes bioinformáticos y ómicos. Para la instalación de paquetes de Bioconductor primero debemos instalar el paquete **BiocManager**.

Dado que la última versión de R que podemos instalar en nuestro escritorio virtual de Amazon WorkSpaces (4.0.2) no es la última, no será posible instalar la última versión de Bioconductor (3.18). Por tanto, nos corresponde instalar la versión 3.12.

```
if (!require("BiocManager", quietly = TRUE))
  install.packages("BiocManager")
BiocManager::install(version = "3.12")      # indicamos la versión a ser instalada
```

Una vez instalado BiocManager, para instalar cualquier paquete de este repositorio usaremos la función `install` indicando que esta función es de BiocManager `BiocManager::install()`

```
BiocManager::install("phyloseq", version = BiocManager::version())
BiocManager::install(c("glue", "stringi"), update = TRUE, ask = FALSE)

# Verificación de instalación válida
BiocManager::valid()
```