

Introducción al flujo de trabajo orientado a proyectos

Joselyn Chávez
@josschavezf1

03 Agosto 2020



Este material posee una licencia tipo Creative Commons Attribution-ShareAlike 4.0 International License.

Para conocer más sobre esta licencia, visite

<http://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>

Material disponible en:

<https://github.com/ComunidadBioInfo/cdsb2020>

Basado en el RStudioConf2020 workshop *What They Forgot* disponible en:

rstd.io/wtf-2020-rsc

Todo lo demás



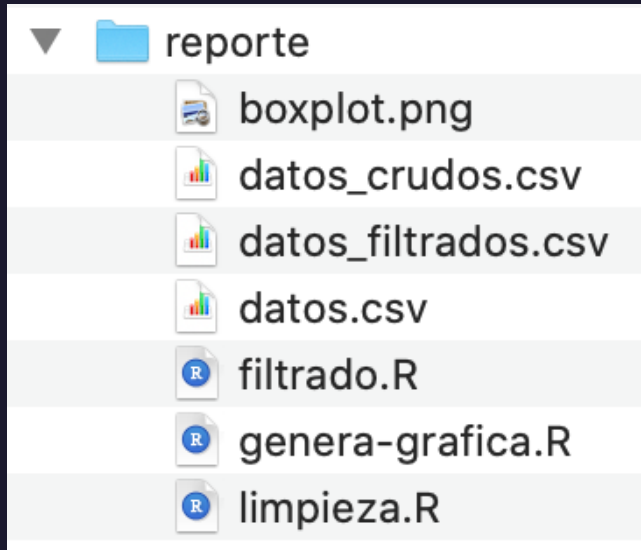
Análisis
estadísticos

Sé organizado

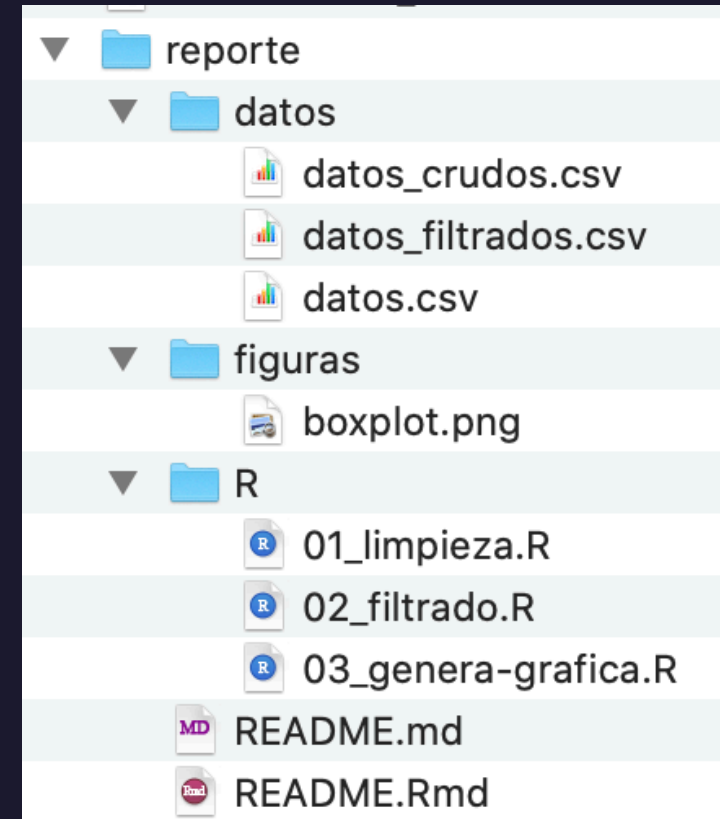
Organiza tu trabajo conforme lo vas creando y no dejes las cosas “para mañana”.

Haz que tu trabajo se explique por sí mismo.

Sé organizado



Ensalada de archivos



Directorio ordenado, incluso con un archivo README

Estas recomendaciones estan basadas en:

Good enough practices in scientific computing.

Wilson, Bryan, Cranston, Kitze, Nederbragt, Teal, 2017.

<https://journals.plos.org/ploscompbiol/article?id=10.1371/journal.pcbi.1005510>

<https://github.com/swcarpentry/good-enough-practices-in-scientific-computing>

Explora tu instalación de R

Los paquetes en R son la unidad natural para distribuir código.

R base contiene ~ 14 paquetes de base y 15 paquetes recomendados, en todas sus distribuciones.

CRAN contiene ~ 16K paquetes que pueden ser instalados de la siguiente forma:

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

```
library(devtools)
```

En dónde se encuentran instalados mis paquetes?

Por defecto, se encuentran en el directorio que R asigna por defecto, cuya ruta podemos encontrar con
`.Library`

Para conocer (o modificar) la ruta de instalación de la sesión actual usamos

```
.libPaths()
```

Cómo sabemos cuáles paquetes tenemos instalados?

```
installed.packages()
```

Hagamos un ejercicio

```
install.packages("usethis")
```

```
library(usethis)
```

```
use_course("comunidadbioinfo/explora-librerias")
```