

# Formas de darle mantenimiento a nuestra instalación de R

Joselyn Chávez  
@josschavezf1

05 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:

[rstudio.io/wtf-2020-rsc](https://rstudio.io/wtf-2020-rsc)

<https://whattheyforgot.org/maintaining-r.html>














Mantener los paquetes  
actualizados

# Actualizar paquetes específicos

Desde Rstudio: Paquetes > Actualizar

Update Packages

	Package	Installed	Available	NEWS
<input type="checkbox"/>	ape	5.1	5.2	
<input type="checkbox"/>	BiocManager	1.30.1	1.30.2	
<input type="checkbox"/>	conflicted	0.1.0.9000	1.0.0	
<input checked="" type="checkbox"/>	doParallel	1.0.11	1.0.14	
<input type="checkbox"/>	ggridges	0.5.0	0.5.1	
<input checked="" type="checkbox"/>	igraph	1.1.0	1.2.2	
<input type="checkbox"/>	magic	1.5-8	1.5-9	
<input checked="" type="checkbox"/>	mockery	0.4.1	0.4.1.1	
<input type="checkbox"/>	pROC	1.12.1	1.13.0	
<input type="checkbox"/>	rematch2	2.0.0.9000	2.0.1	
<input type="checkbox"/>	sm	2.2-5.5	2.2-5.6	

Select All   Select None   Install Updates   Cancel

Desde la consola:

Para ver los paquetes que requieren actualización:

```
old.packages()
```

Instalar nuevamente el paquete

```
install.packages("pkgname")
```












Usar devtools

```
devtools::upgrade_packages("pkgname")
```

# Actualizar todos los paquetes

Desde Rstudio: Paquetes > Actualizar > Seleccionar todos

Update Packages

	Package	Installed	Available	NEWS
<input checked="" type="checkbox"/>	ape	5.1	5.2	
<input checked="" type="checkbox"/>	BiocManager	1.30.1	1.30.2	
<input checked="" type="checkbox"/>	conflicted	0.1.0.9000	1.0.0	
<input checked="" type="checkbox"/>	doParallel	1.0.11	1.0.14	
<input checked="" type="checkbox"/>	ggridges	0.5.0	0.5.1	
<input checked="" type="checkbox"/>	igraph	1.1.0	1.2.2	
<input checked="" type="checkbox"/>	magic	1.5-8	1.5-9	
<input checked="" type="checkbox"/>	mockery	0.4.1	0.4.1.1	
<input checked="" type="checkbox"/>	pROC	1.12.1	1.13.0	
<input checked="" type="checkbox"/>	rematch2	2.0.0.9000	2.0.1	
<input checked="" type="checkbox"/>	sm	2.2-5.5	2.2-5.6	

Usando devtools

```
devtools::upgrade_packages(TRUE)
```

Esto funciona para los paquetes de CRAN y existentes en  
Github

Para Bioconductor y CRAN podemos usar

```
BiocManager::valid()
```



# Instalando versiones anteriores de un paquete

**devtools: Tools to Make Developing R Packages Easier**

Collection of package development tools.

Version: 1.13.6

Depends: R (≥ 3.0.2)

Imports: [httr](#) (≥ 0.4), [utils](#), [tools](#), [methods](#), [memoise](#) (≥ 1.0.0), [whisker](#), [digest](#), [rsconnect](#)

Suggests: [curl](#) (≥ 0.9), [crayon](#), [testthat](#) (≥ 1.0.2), [BiocInstaller](#), [Rcpp](#) (≥ 0.10.0), [R6](#)

Published: 2018-06-27

Author: Hadley Wickham [aut], Jim Hester [aut, cre], Winston Chang [aut], RStudio [cre]

Maintainer: Jim Hester <james.hester@rstudio.com>

BugReports: <https://github.com/r-lib/devtools/issues>

License: [GPL-2](#) | [GPL-3](#) [expanded from: GPL (≥ 2)]

URL: <https://github.com/r-lib/devtools>

NeedsCompilation: no

Materials: [README NEWS](#)

CRAN checks: [devtools results](#)

**Downloads:**

Reference manual: [devtools.pdf](#)

Vignettes: [Devtools dependencies](#)

Package source: [devtools\\_1.13.6.tar.gz](#)

Windows binaries: r-devel: [devtools\\_1.13.6.zip](#), r-release: [devtools\\_1.13.6.zip](#), r-oldrel: [devtools\\_1.13.6.zip](#)

OS X binaries: r-release: [devtools\\_1.13.6.tgz](#), r-oldrel: [devtools\\_1.13.6.tgz](#)

Old sources: [devtools archive](#)

Entra a la página del paquete, por ejemplo busca en google

‘CRAN devtools’

Dirígete a la sección ‘Old sources’

# Instalando versiones anteriores de un paquete

Revisa la versión que tienes instalada actualmente

```
packageVersion("devtools")
```

Instala una versión anterior y verifica la instalación

```
devtools::install_version("devtools", "2.0.0")
```

```
packageVersion("devtools")
```

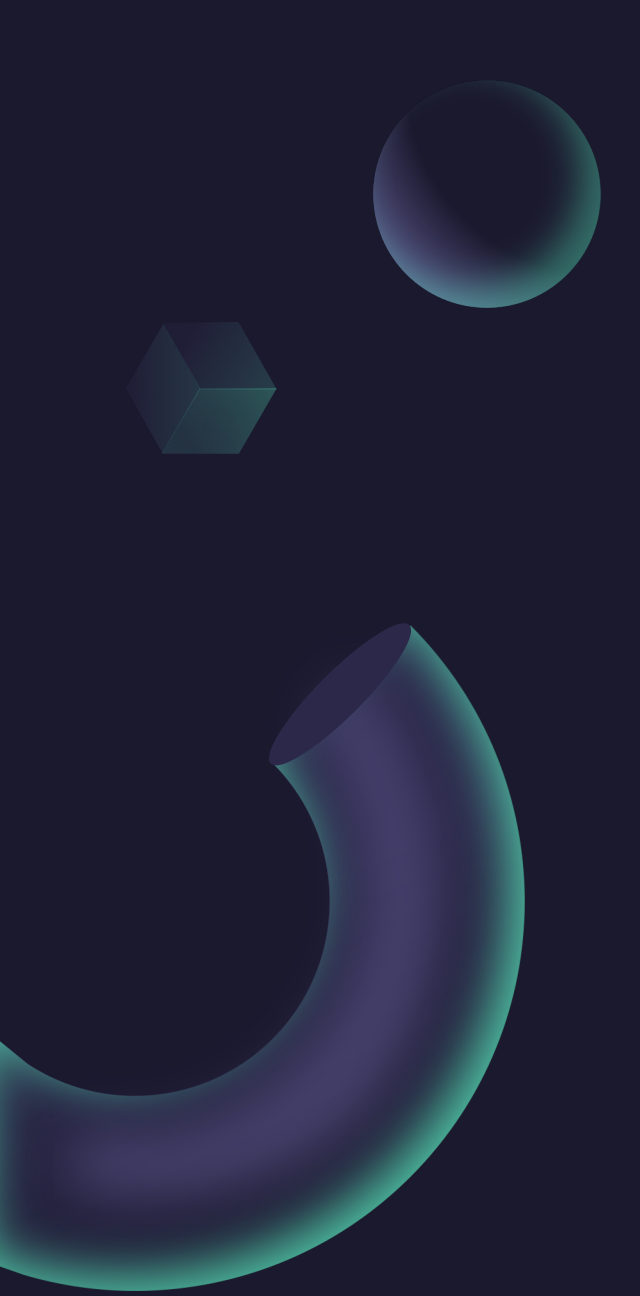
# Hagamos un ejercicio

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

```
library(usethis)
```

```
usethis::use_course("comunidadbioinfo/mantenimiento")
```

Abre el archivo 01\_mantenimiento\_A.R



Transferir los paquetes  
instalados cuando  
actualizamos la versión de R

# Podemos transferir los paquetes instalados entre actualizaciones menores



3.5.0 → 3.5.1



3.4.3 → 3.5.0

# Solución

Busca tu ruta de instalación

```
Sys.getenv("R_LIBS_USER")
```

En MacOS se verá así: `R_LIBS_USER=~/.Library/R/%v/library`

En Windows se verá así:

```
R_LIBS_USER=~/.R/win-library/x.y
```

Si no cuentas con él, genera un directorio para la version anterior

```
fs::dir_create(Sys.getenv("R_LIBS_USER"))
```

Genera un directorio para la nueva versión, en este caso será la version  
4.1.0

```
fs::dir_create("~/Library/R/4.1/library")
```

Modifica el archivo .Renviron y agrega esta linea  
R\_LIBS\_USER("~/Library/R/4.1/library")

Reinicia tu sesión

# Continuemos con el ejercicio

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

```
library(usethis)
```

```
usethis::use_course("comunidadbioinfo/mantenimiento")
```

Abre el archivo 02\_mantenimiento\_A.R



Para más detalles sobre mantenimiento de nuestro  
ambiente de R:

<https://rstats.wtf/maintaining-r.html>