**O Pacote R**



No curso de “Genética Geográfica” será utilizado o R, que é um ambiente desenvolvido para programação de alto nível e análise estatística. Esse programa é gratuito e está disponível para sistema operacional Windows, OS X (Mac) e Linux. Antes das aulas é preciso instalar o programa e os pacotes que serão utilizados no curso, conforme detalhado abaixo.

**Instalação do R:**

Acesse [http://www.r-project.org/](http://www.r-project.org/%22%20%5Ct%20%22_blank) e procure o texto:  “To **[download](http://cran.r-project.org/mirrors.html%22%20%5Ct%20%22_blank)R**, please choose your preferred [CRAN mirror](http://cran.r-project.org/mirrors.html%22%20%5Ct%20%22_blank).” Selecione “CRAN mirror” e você será direcionado para uma página em que deverá escolher o site de download. Selecione por exemplo, <http://www.vps.fmvz.usp.br/CRAN/>. Posteriormente selecione a plataforma que está usando (Win, OS X ou Linux). Por fim, selecione “base” e Download R 3.1.2. (ou a versão mais atual) for Windows, se for o caso (mais frequente). Para aqueles que tem versões anteriores recomendamos a instalação dessa nova versão, pois alguns pacotes estão disponíveis somente para versões mais atuais.

Após fazer o download e instalar o R, o programa já está pronto para uso. Entretanto, além do pacote básico que já está inserido no R (com operações numéricas, matriciais, e toda a parte de estatística básica) o R funciona com base em inúmeros pacotes (a maior parte distribuído via CRAN) que não estão previamente instalados no ambiente R, conforme explicado abaixo.

**Instalação dos pacotes:**

Existem diferentes maneiras para instalação de pacotes no R. Para o nosso curso serão utilizados pelo menos 15 pacotes diferentes. Para a instalação copie e cole as linhas abaixo (todos eles) em um script (ou digite cada um no prompt) e rode

install.packages("vegan")

install.packages("adegenet")

install.packages("hierfstat")

install.packages("fields")

install.packages("pegas")

install.packages("ecodist")

install.packages("ade4")

install.packages("betapart")

install.packages("ncf")

install.packages("tripack")

install.packages("AICcmodavg")

install.packages("MASS")

install.packages("apcluster")

install.packages("FactoMineR")

install.packages("plot3D")

install.packages("rgl")

install.packages("spdep")

install.packages("agricolae")

install.packages("ape")

install.packages("mclust")

install.packages("elasticnet")

install.packages("psych")

install.packages("MuMIn")

Na realidade, o mesmo procedimento pode ser feito no “menu” do R (em “pacotes” e depois “instalar pacotes”, escolhendo cada um deles em uma lista). Se for o primeiro pacote a ser instalado no R, haverá uma pergunta sobre diretório de instalação etc (a resposta deve ser “sim”, caso contrário o processo será encerrado). Após aparecerem as mensagens de instalação, clique sim>sim, e Brazil (SP1, ou qualquer outro espelho). Em seguida será instalado individualmente cada um dos pacotes. Antes da utilização, é preciso carregar o pacote no ambiente do R (por exemplo, no prompt deve se digitar: > library(vegan))

(Adaptado do original de J. Nabout)