

2022.05.16版

R本体は最新のリリース版、Rパッケージは「必要最小限プラスアルファ」の推奨インストール手順を示します。スライドはWindows10環境でのスクリーンショットです。ウェブブラウザによって挙動が多少異なるのでご注意ください。Chrome（推奨）で動作確認しています。

R本体とRStudioとRパッケージのインストール(Windows版)

東京大学・大学院農学生命科学研究科
アグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット

Contents

- 事前準備: 古いR情報の削除(任意)
- R本体のインストール
- PC環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- パッケージの依存関係
- インストール確認
- エラーへの対処(パッケージの個別インストール)

事前準備1

全て自己責任のもとですが、まずは**R関連のものを全てアンインストールして真っ新にします**。今見えているPC環境では、①と②と③が該当します。

← 設定

門田幸二
koji.kadota@gmail.com

設定の検索

システム

Bluetooth とデバイス

ネットワークとインターネット

個人用設定

アプリ

アカウント

時刻と言語

ゲーム

アクセシビリティ

アプリ > アプリと機能

Python Launcher
3.9.7400.0 | Python Software Foundation | 2021/04/07 1.80 MB



R for Windows 4.0.3
4.0.3 | R Core Team | 2021/01/21 155 MB

Realtek Audio Console
Realtek Semiconductor Corp | 2021/01/04 24.0 KB

Realtek High Definition Audio Driver
6.0.8685.1 | Realtek Semiconductor Corp. | 2020/04/01 47.8 MB



RStudio
1.4.1103 | RStudio | 2021/12/03



Rtools 4.0 (4.0.0.28)
4.0 | The R Foundation | 2021/01/21 1.01 GB

Sierra Wireless Mobile Broadband Driver Package

事前準備2

全て自己責任のもとですが、まずはR関連のものを全てアンインストールして真っ新にします。今見えているPC環境では、①と②と③が該当します。アンインストール後の状態。

← 設定

 門田幸二
koji.kadota@gmail.com

設定の検索 🔍

システム

Bluetooth とデバイス

ネットワークとインターネット

個人用設定

アプリ








アカウント

時刻と言語

ゲーム

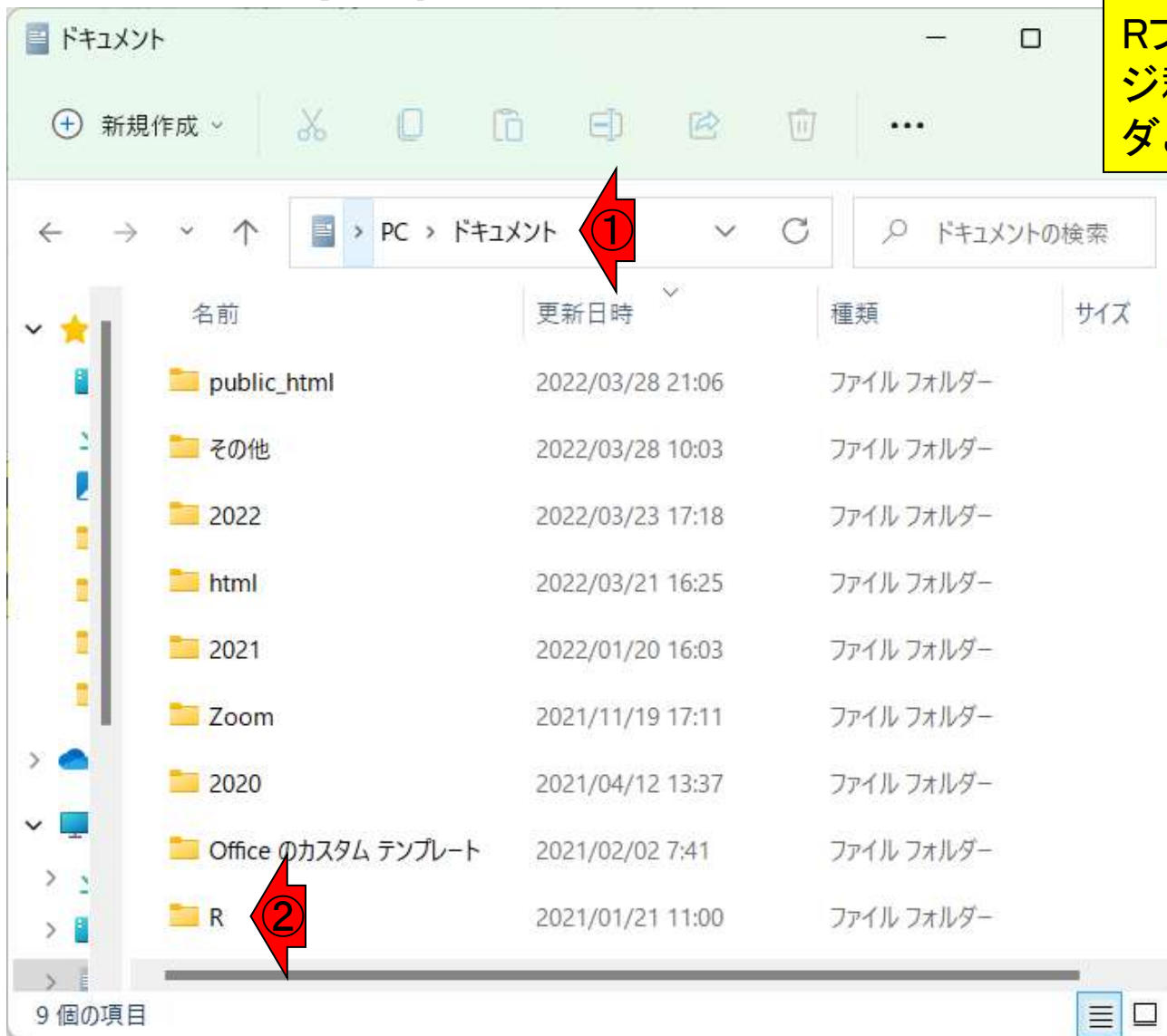
アクセシビリティ

アプリ > アプリと機能

	Python Launcher 3.9.7400.0 Python Software Foundation 2021/04/07	1.80 MB	⋮
	Realtek Audio Console Realtek Semiconductor Corp 2021/01/04	24.0 KB	⋮
	Realtek High Definition Audio Driver 6.0.8685.1 Realtek Semiconductor Corp. 2020/04/01	47.8 MB	⋮
	Sierra Wireless Mobile Broadband Driver Package 7.70.4957.0003 Sierra Wireless, Inc. 2021/12/03	397 MB	⋮
	Skype Skype 2022/03/21	26.4 MB	⋮
	Slack 4.24.0 Slack Technologies Inc. 2022/03/01	93.8 MB	⋮
	Spinning Tool		⋮

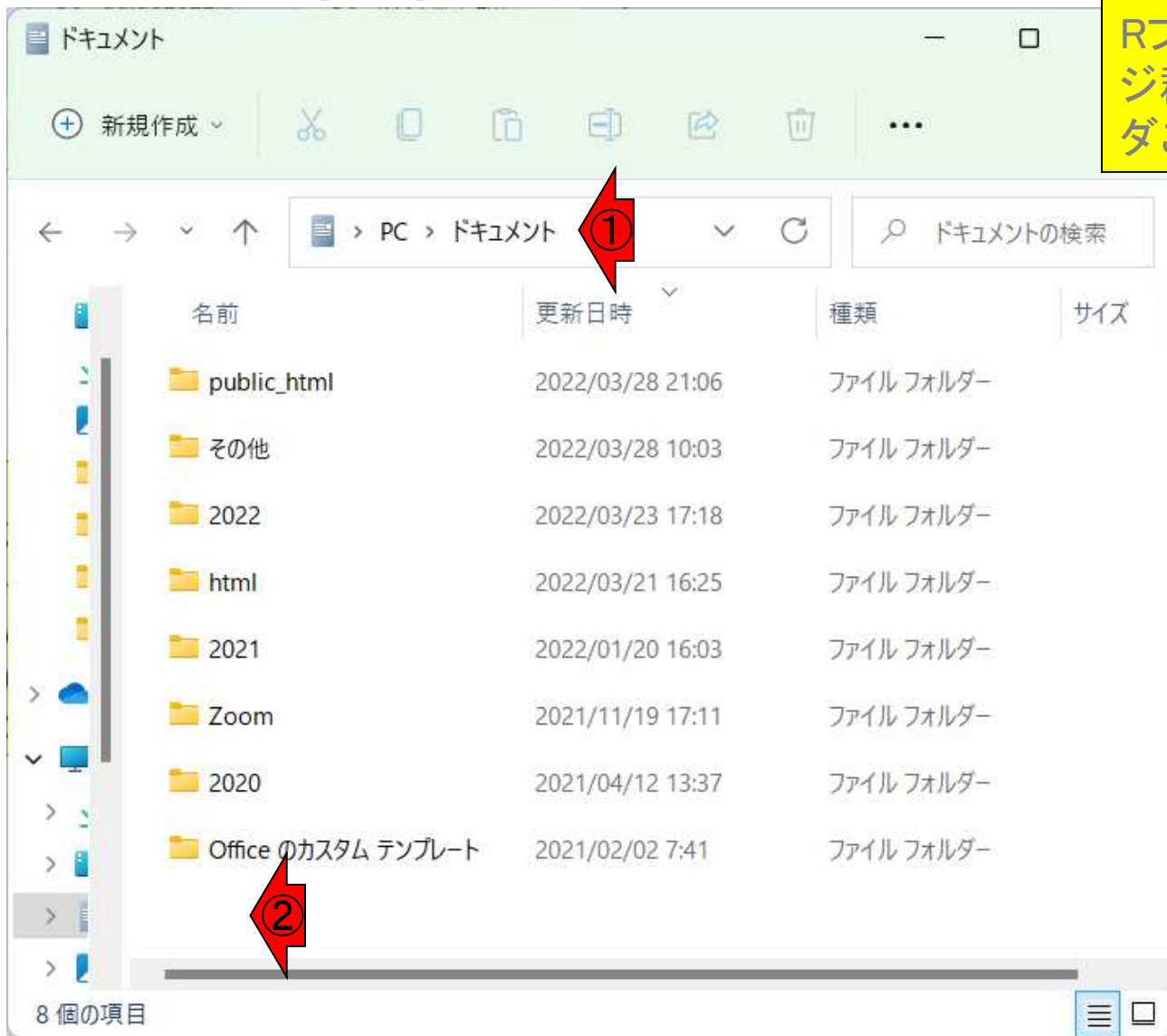
事前準備3

次は、以前にインストール済みのRパッケージ群を削除します。推奨手順でインストールしたヒトは、①ドキュメントの、②Rフォルダにインストール済みのパッケージ群がまだ残っています。②のRフォルダごと削除します。



事前準備4

次は、以前にインストール済みのRパッケージ群を削除します。推奨手順でインストールしたヒトは、①ドキュメントの、②Rフォルダにインストール済みのパッケージ群がまだ残っています。②のRフォルダごと削除します。削除後の状態。



Contents

- 事前準備: 古いR情報の削除(任意)
- R本体のインストール
- PC環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- パッケージの依存関係
- インストール確認
- エラーへの対処(パッケージの個別インストール)

R本体のインストール1

R本体は、①最新版(リリース版)のインストールが基本です。

(Rで)塩基配列解析

iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html

ゲスト (2)

更新

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2022/03/28, since 2010)

このウェブページのR関連部分は、[インストール | についての推奨手順](#) ([Windows2019.10.09版](#)と[Macintosh2021.04.01版](#))に従ってフリーソフトRと必要なパッケージをインストール済みであるという前提で記述しています。初心者の方は[基本的な利用法](#) (Windowsの2020.03.06版の[PPTX](#)と[PDF](#) ; Macintosh2019.03.12版の[PPTX](#)と[PDF](#))で自習してください。2018年7月に[\(Rで\)塩基配列解析の一部](#) (講習会・書籍・学会誌など)を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? ([過去のお知らせ](#)はこちら)

- 遺伝子クラスタリングに基づく発現変動遺伝子検出法の論文([Osabe et al., BMC Bioinformatics, 2021](#))のプログラムをおいている[MBCdegのGitHubサイト](#)に中のコードに存在していたミスを修正しました(RNASeq.Data関数実行部分でNormalizerオプションに与える情報がlog2(size.factors)だったのをlog(size.factors)に変更)。(2022/01/22)

- [はじめに](#) (last modified 2022/03/28) **NEW**
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2022/03/28) **NEW**
- [インストール | について](#) (last modified 2021/04/07)
- インストール | R本体とRStudio | 最新版 | [Win用](#) (last modified 2022/03/28)推奨 **NEW**
- インストール | R本体とRStudio | 最新版 | [Mac用](#) (last modified 2022/03/28)推奨 **NEW**
- インストール | R本体 | 過去版 | [Win用](#) (last modified 2015/03/22)
- インストール | R本体 | 過去版 | [Mac用](#) (last modified 2015/03/22)

[トップページへ](#)

R本体のインストール2

R本体は、①最新版(リリース版)のインストールが基本です。②Rのインストーラ。

(Rで塩基配列解析

x +

iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_R_release_win

ゲスト

更新

インストール | R本体とRStudio | 最新版 | Win用 **NEW**

最新版(リリース版のこと)は、下記手順を実行します。インストールが無事完了したら、デスクトップに「R x64 4.X.Y」アイコンが作成されます(XやY中の数値はバージョンによって異なります)。2022年03月28日現在の最新版は、[R-4.1.3-win.exe](#)です。

②

1. [Rのインストーラ](#)を「実行」
2. 基本的には「次へ」などを押しながらインストールを完了させる
3. 「コントロールパネル」 - 「デスクトップのカスタマイズ」 - 「フォルダオプション」 - 「表示(タブ)」 - 「詳細設定」のところで、「登録されている拡張子は表示しない」のチェックを外してください。
4. [RStudioのダウンロードサイト](#)をクリックし、「RStudio-2022.02.1-461.exe」と酷似したファイル名のものをクリック。

インストール | R本体とRStudio | 最新版 | Mac用 **NEW**

最新版(リリース版のこと)は、下記手順を実行します。インストールが無事完了したら、Finderを起動して、左のメニューの「アプリケーション」をクリックすると、Rのアイコンが作成されていることが確認できます。2022年03月28日現在の最新版は、[R-4.1.3.pkg](#)です。

1. <http://cran.r-project.org/bin/macosx/>の「R-4.X.Y.pkg」をクリック。(XやY中の数値はバージョンによって異なります)
2. ダウンロードしたファイルをダブルクリックして、基本的には「次へ」などを押しながらインストールを完了させる
3. 「Finder」 - 「環境設定」 - 「詳細」タブのところで「すべてのファイル名拡張子を表示」にチェックを入れる。
4. [RStudioのダウンロードサイト](#)をクリックし、「RStudio-2022.02.1-461.dmg」と酷似したファイル名のものを [トップページへ](#)

R本体のインストール3

R本体は、①最新版(リリース版)のインストールが基本です。②Rのインストーラダウンロードが完了するとこのように見えるので、③をクリックして実行。④OK。

https://cran.r-project.org/bin/win

cran.r-project.org/bin/windows/base/release.htm

ゲスト 更新

セットアップに使用する言語の選択



インストール中に使用する言語を選んでください。

日本語

④

OK

キャンセル

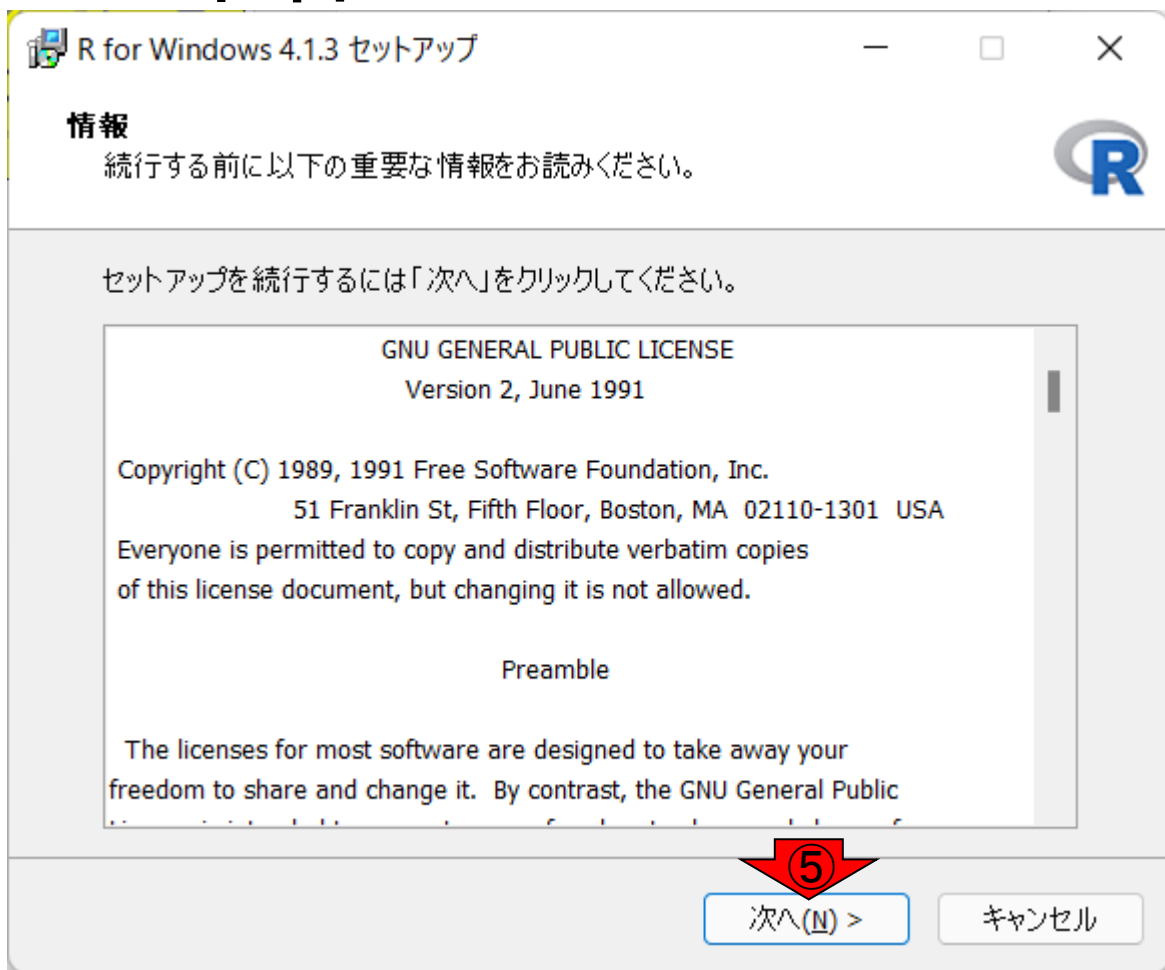
③

R-4.1.3-win.exe

すべて表示

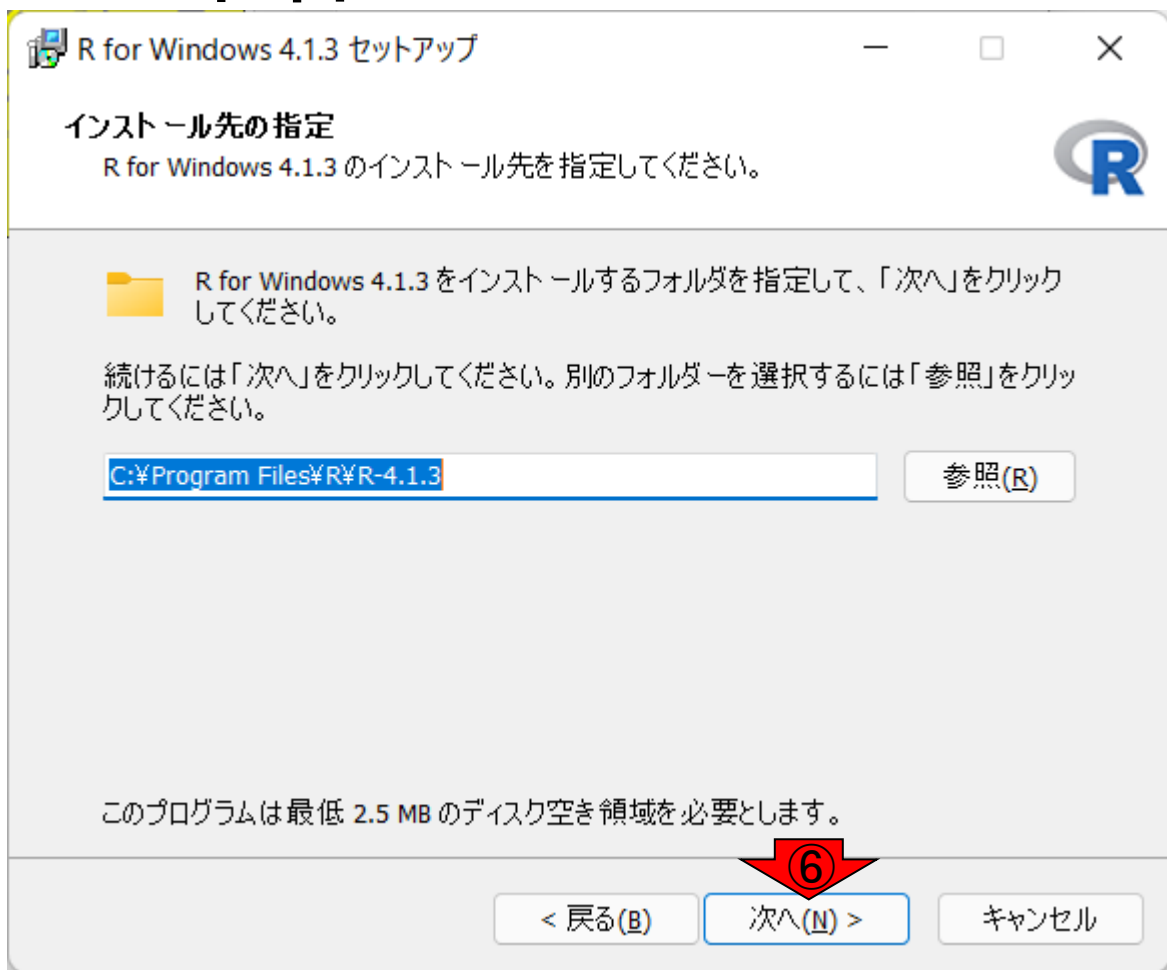
R本体のインストール4

R本体は、①最新版(リリース版)のインストールが基本です。②Rのインストーラダウンロードが完了するとこのように見えるので、③をクリックして実行。④OK。⑤次へ。



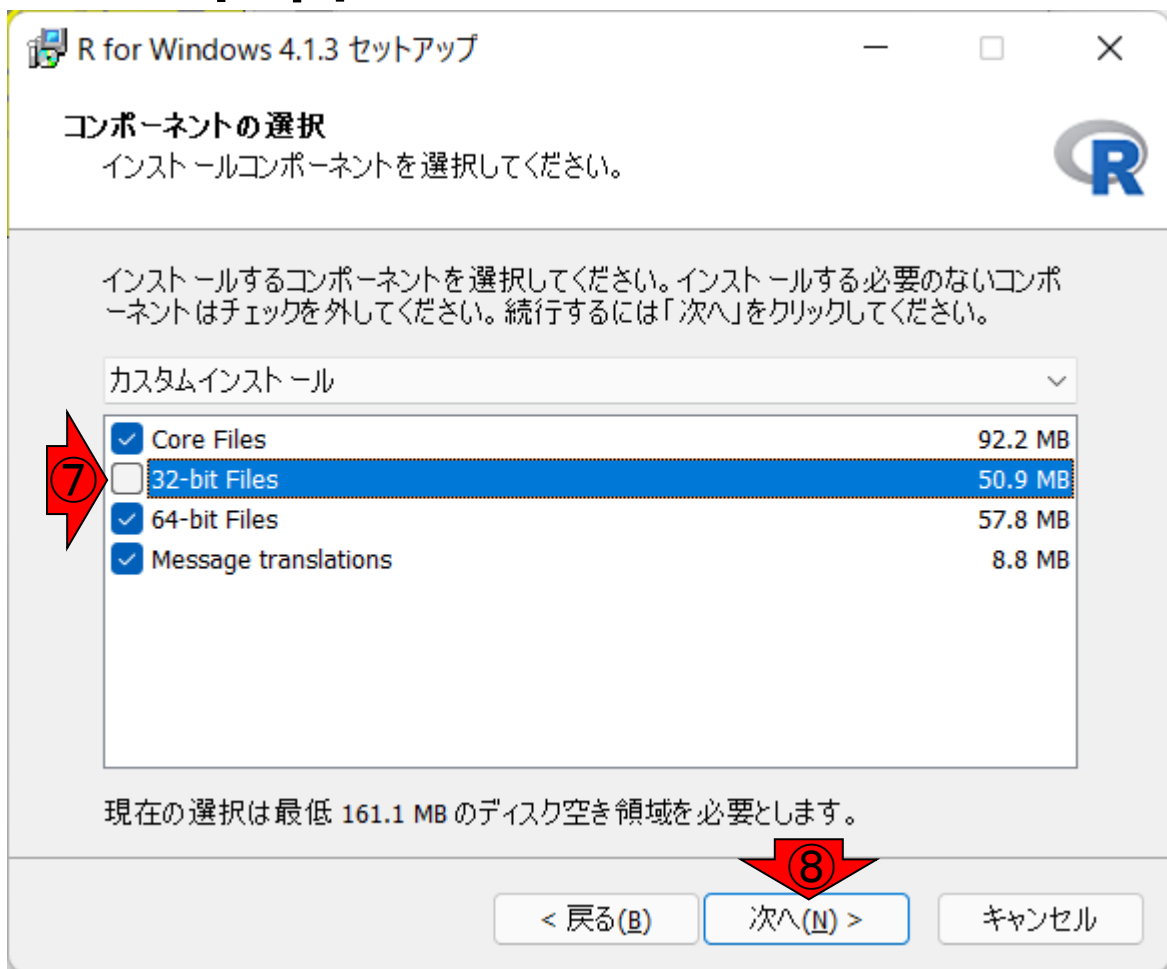
R本体のインストール5

R本体は、①最新版(リリース版)のインストールが基本です。②Rのインストーラダウンロードが完了するとこのように見えるので、③をクリックして実行。④OK。⑤次へ。⑥次へ。



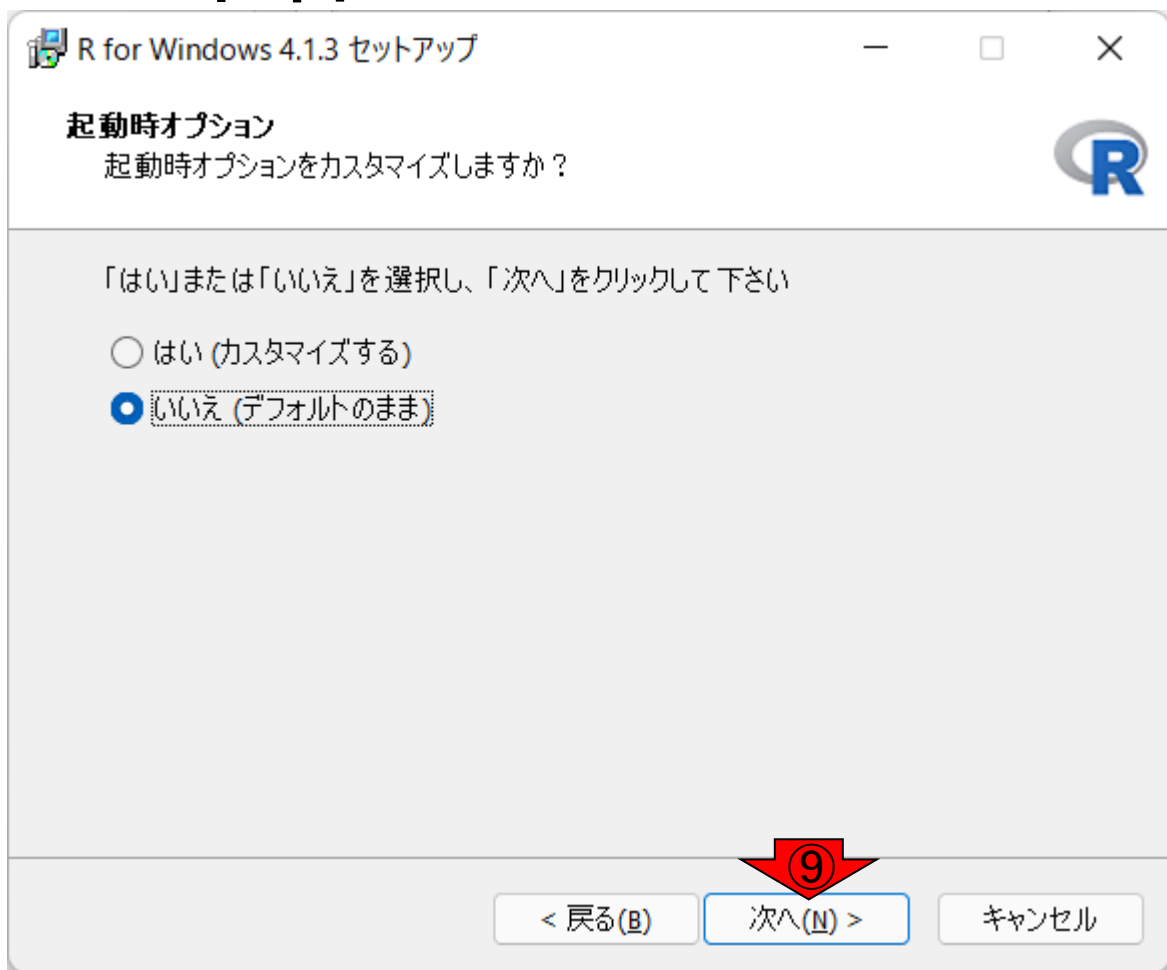
R本体のインストール6

R本体は、①最新版(リリース版)のインストールが基本です。②Rのインストーラダウンロードが完了するとこのように見えるので、③をクリックして実行。④OK。⑤次へ。⑥次へ。⑦32ビットのPCを使っているヒトはおそらくいないので、ここのチェックを外す。⑧次へ。



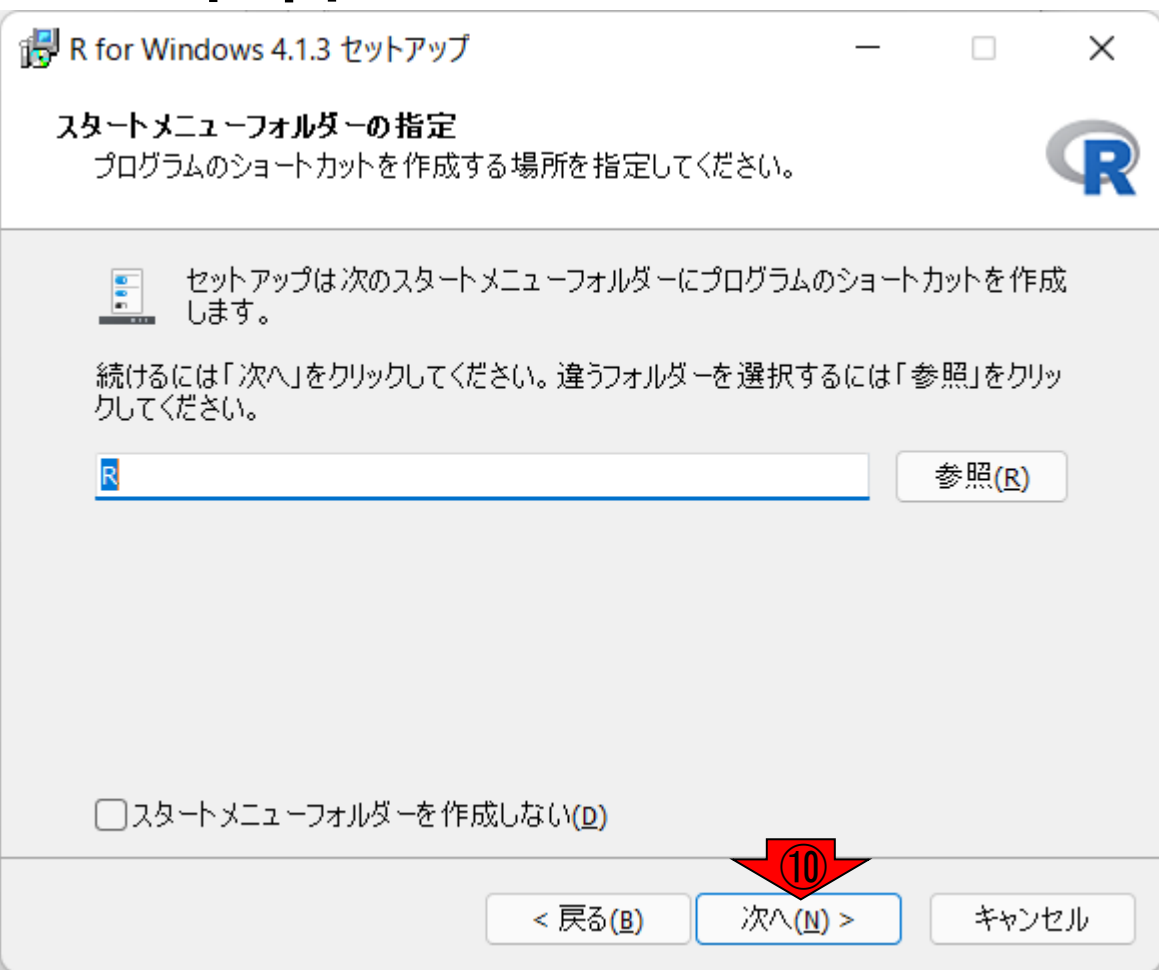
R本体のインストール7

R本体は、①最新版(リリース版)のインストールが基本です。②Rのインストーラダウンロードが完了するとこのように見えるので、③をクリックして実行。④OK。⑤次へ。⑥次へ。⑦32ビットのPCを使っているヒトはおそらくいないので、このチェックを外す。⑧次へ。⑨次へ。



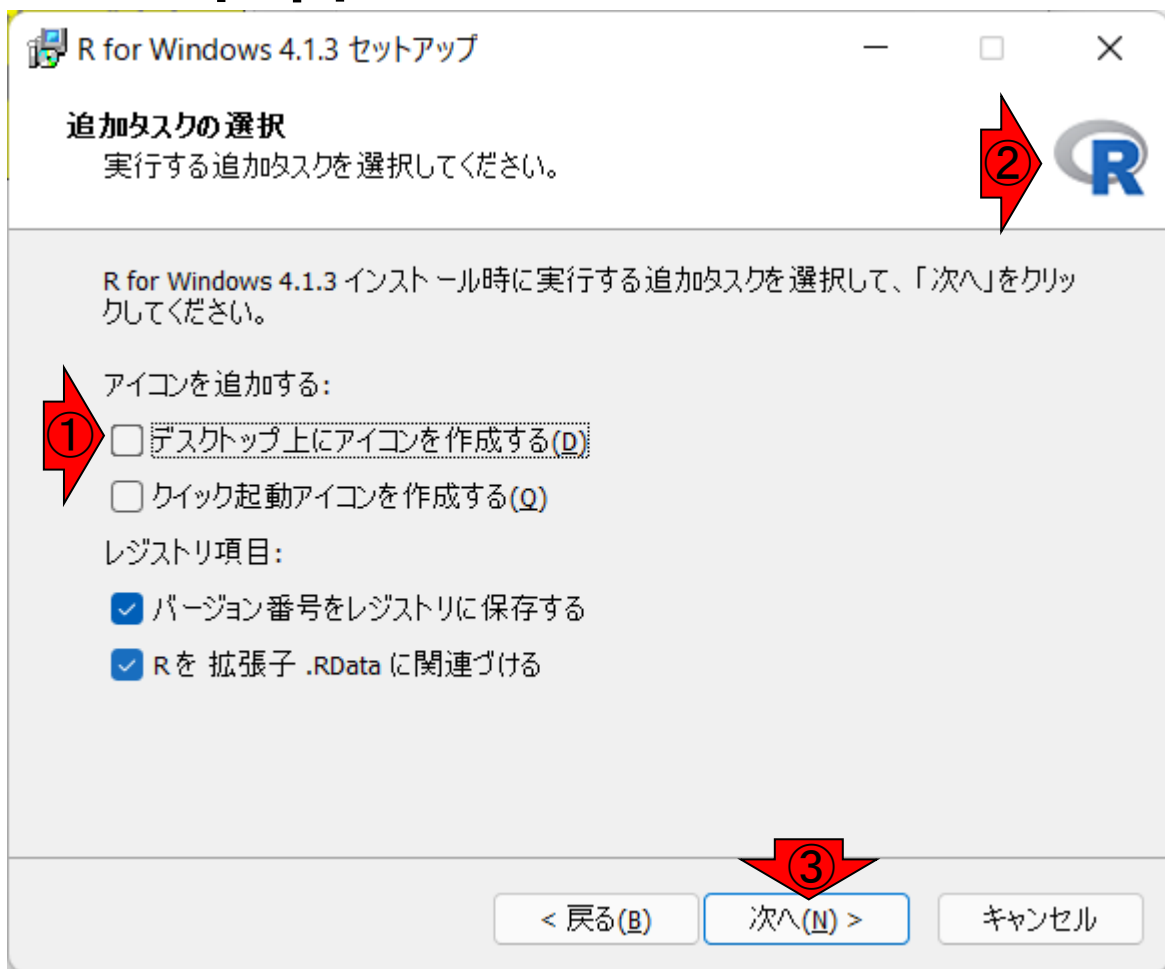
R本体のインストール8

R本体は、①最新版(リリース版)のインストールが基本です。②Rのインストーラダウンロードが完了するとこのように見えるので、③をクリックして実行。④OK。⑤次へ。⑥次へ。⑦32ビットのPCを使っているヒトはおそらくいないので、このチェックを外す。⑧次へ。⑨次へ。⑩次へ。



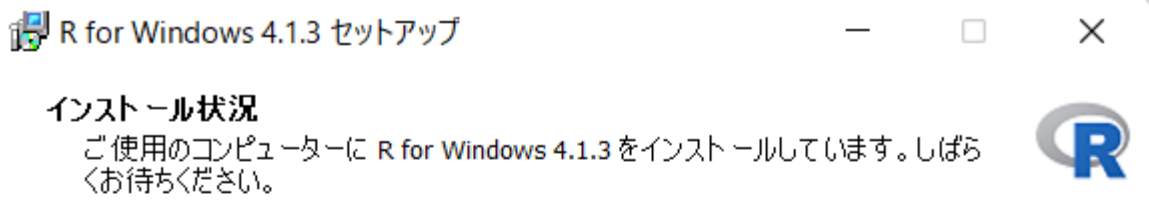
R本体のインストール9

①にチェックを入れると、デスクトップに②のようなアイコンが作成されます。③次へ。

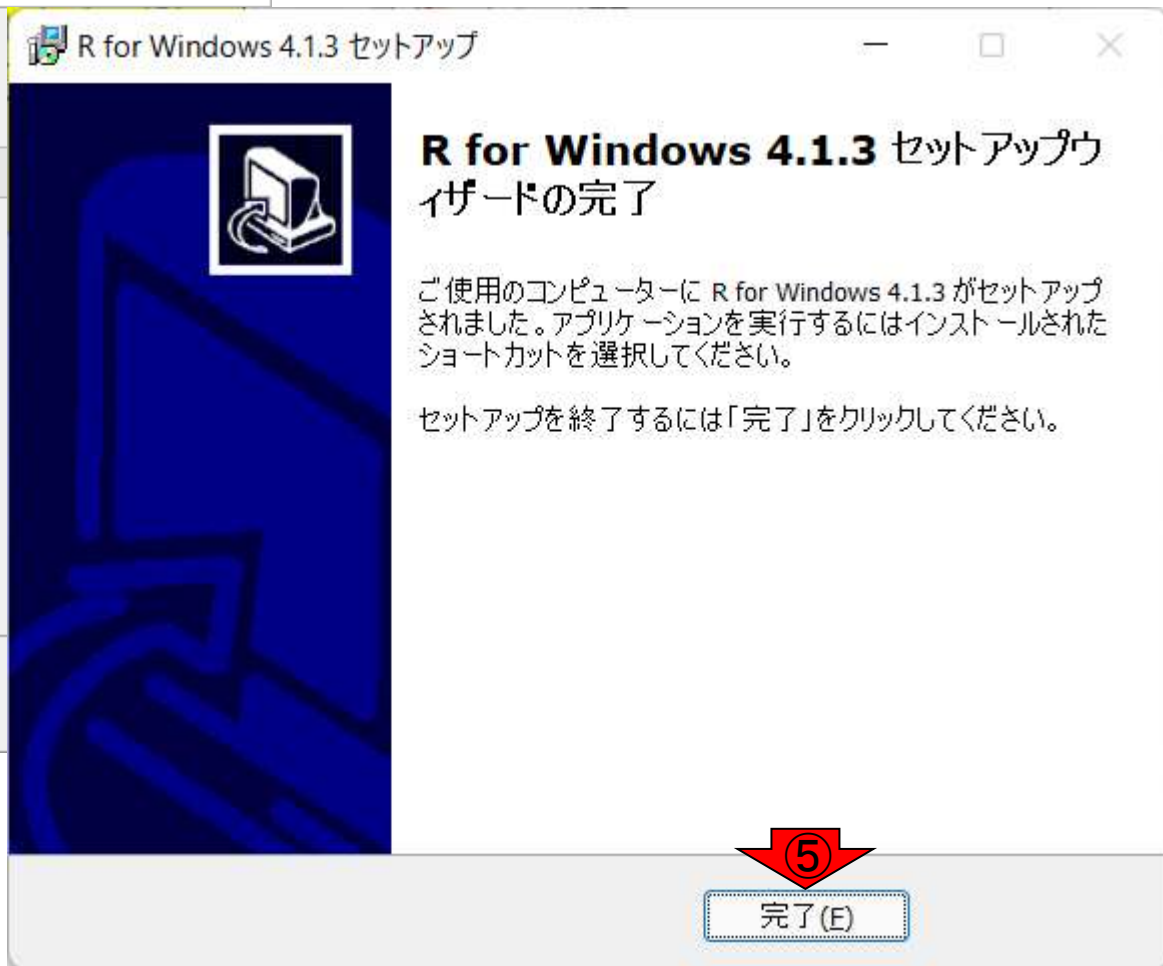


R本体のインストール10

①にチェックを入れると、デスクトップに②のようなアイコンが作成されます。③次へ。④インストール中…、⑤完了。1分程度で終わります。



ファイルを展開しています...
C:\Program Files\R\R-4.1.3\doc\manual\fullrefman.pdf



Contents

- 事前準備: 古いR情報の削除(任意)
- R本体のインストール
- PC環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- パッケージの依存関係
- インストール確認
- エラーへの対処(パッケージの個別インストール)

PC環境設定1

①ファイルの拡張子を明示させる作業です。

(R)塩基配列解析

iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_R_release_win

インストール | R本体とRStudio | 最新版 | Win用 **NEW**

最新版（リリース版のこと）は、下記手順を実行します。インストールが無事完了したら、デスクトップに「R x64 4.X.Y」アイコンが作成されます(XやY中の数値はバージョンによって異なります)。2022年03月28日現在の最新版は、[R-4.1.3-win.exe](#)です。

1. [Rのインストール](#)を「実行」
2. 基本的には「次へ」などを押しながらインストールを完了させる
3. 「コントロールパネル」 - 「デスクトップのカスタマイズ」 - 「フォルダオプション」 - 「表示（タブ）」 - 「詳細設定」のところで、「登録されている拡張子は表示しない」のチェックを外してください。
4. [RStudioのダウンロードサイト](#)をクリックし、「RStudio-2022.02.1-461.exe」と酷似したファイル名のものをクリック。

インストール | R本体とRStudio | 最新版 | Mac用 **NEW**

最新版（リリース版のこと）は、下記手順を実行します。インストールが無事完了したら、Finderを起動して、左のメニューの「アプリケーション」をクリックすると、Rのアイコンが作成されていることが確認できます。2022年03月28日現在の最新版は、[R-4.1.3.pkg](#)です。

1. <http://cran.r-project.org/bin/macosx/>の「R-4.X.Y.pkg」をクリック。（XやY中の数値はバージョンによって異なります）
2. ダウンロードしたファイルをダブルクリックして、基本的には「次へ」などを押しながらインストールを完了させる
3. 「Finder」 - 「環境設定」 - 「詳細」タブのところで「すべてのファイル名拡張子を表示」にチェックを入れる。
4. [RStudioのダウンロードサイト](#)をクリックし、「RStudio-2022.02.1-461.dmg」と酷似したファイル名のものを[トップページ](#)へ

PC環境設定2

①ファイルの拡張子を明示させる作業です。

← 設定



門田幸二

koji.kadota@gmail.com

設定の検索



システム



DESKTOP-A6L1TFM

CFSV8-2L

名前の変更



Microsoft 365

特典を表示



OneDrive

管理



Windows Update

最終チェック日時: 31 分前



ディスプレイ

モニター、明るさ、夜間モード、ディスプレイ プロファイル



サウンド

音量レベル、出力、入力、サウンド デバイス



通知

アプリとシステムでのアラート



集中モード

通知、自動規則



システム

Bluetooth とデバイス

ネットワークとインターネット

個人用設定

アプリ

アカウント

時刻と言語

ゲーム

マクサミルヒネ

PC環境設定3

①ファイルの拡張子を明示させる作業です。②検索窓のところで「拡張子」と打ち込むと、③が見られます。

← 設定

門田幸二
koji.kadota@gmail.com

システム



DESKTOP-A6L1TFM

CFSV8-2L
名前の変更

Microsoft 365
特典を表示

OneDrive
管理

Windows Update
最終チェック日時: 31 分前

拡張子

× 🔍

🔗 ファイル拡張子を表示する

- Bluetooth とデバイス
- ネットワークとインターネット
- 個人用設定
- アプリ
- アカウント
- 時刻と言語
- ゲーム
- マクサミルリネ

🖥️ ディスプレイ
モニター、明るさ、夜間モード、ディスプレイ プロファイル >

🔊 サウンド
音量レベル、出力、入力、サウンド デバイス >

🔔 通知
アプリとシステムでのアラート >

🌙 集中モード
通知、自動規則 >

PC環境設定4

①ファイルの拡張子を明示させる作業です。②検索窓のところで「拡張子」と打ち込むと、③が見られます。こんな感じになりますので、④設定の表示。

← 設定

門田幸二
koji.kadota@gmail.com

設定の検索 🔍

- システム
- Bluetooth とデバイス
- ネットワークとインターネット
- 個人用設定
- アプリ
- アカウント
- 時刻と言語
- ゲーム
- マクサミルプレ...

プライバシーとセキュリティ > 開発者向け

オフ

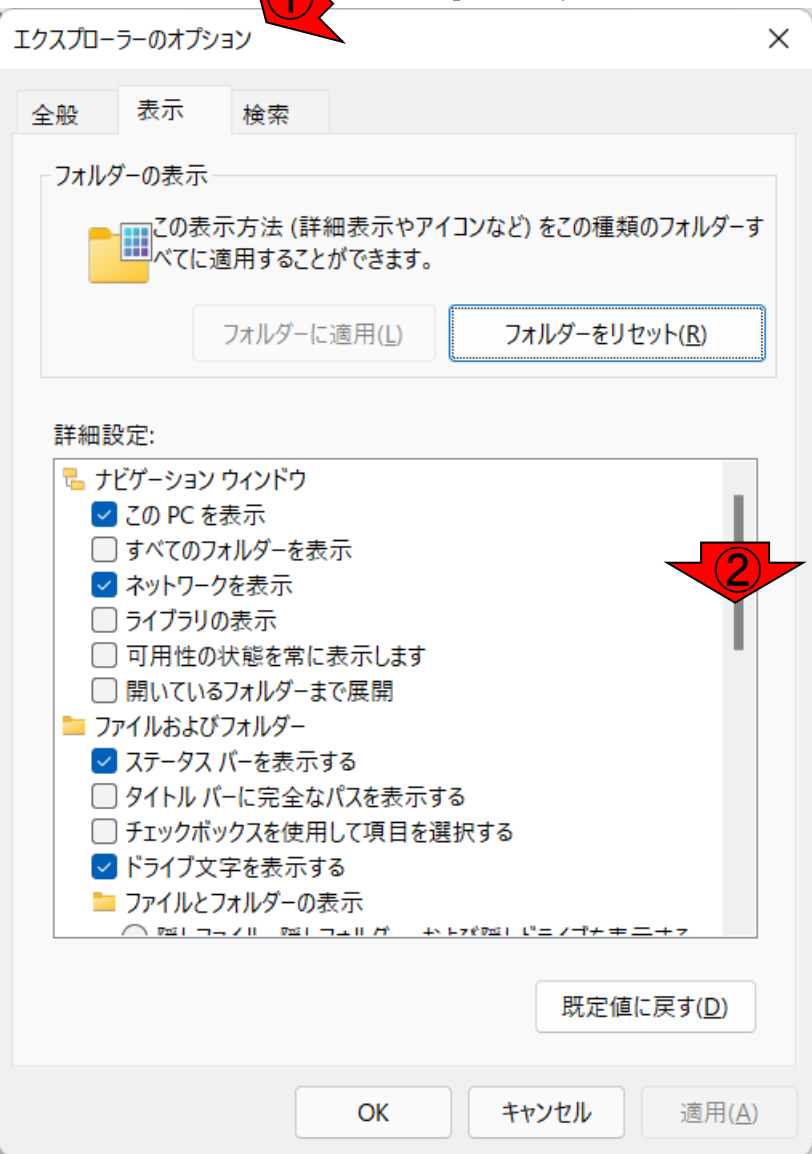
注: Windows 10 バージョン 1803 以降の SDK が必要です。

エクスプローラー

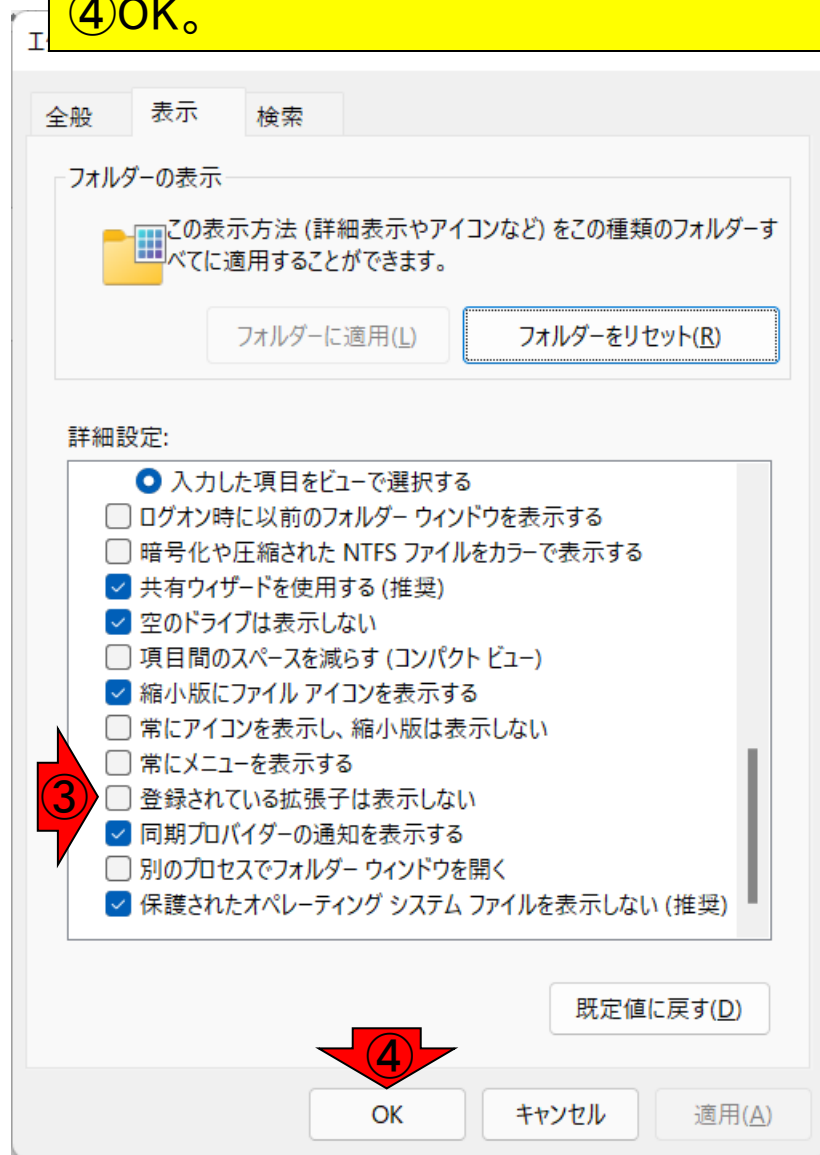
より開発者フレンドリなエクスプローラーを実現するには、以下の設定を適用します。

- ファイル拡張子を表示するように設定を変更します [設定の表示](#) ④
- 隠しファイルとシステム ファイルを表示するように設定を変更します [設定の表示](#)
- タイトル バーに完全なパスを表示するように設定を変更します [設定の表示](#)
- スタートメニューに [別のユーザーとして実行] を表示するようにポリシーを変更します [設定の表示](#)

PC環境設定5



①エクスプローラーのオプションの表示タブが開きます。②下にスクロールして、③登録されている拡張子は表示しないのチェックが外れていることを確認して、④OK。



Contents

- 事前準備: 古いR情報の削除(任意)
- R本体のインストール
- PC環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- パッケージの依存関係
- インストール確認
- エラーへの対処(パッケージの個別インストール)

RStudioのインストール1

(Rで塩基配列解析)

iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_R_release_win

ゲスト

更新

インストール | R本体とRStudio | 最新版 | Win用 **NEW**

最新版（リリース版のこと）は、下記手順を実行します。インストールが無事完了したら、デスクトップに「R x64 4.X.Y」アイコンが作成されます(XやY中の数値はバージョンによって異なります)。2022年03月28日現在の最新版は、[R-4.1.3-win.exe](#)です。

1. [Rのインストール](#)を「実行」
2. 基本的には「次へ」などを押しながらインストールを完了させる
3. 「コントロールパネル」 - 「デスクトップのカスタマイズ」 - 「フォルダオプション」 - 「表示（タブ）」 - 「詳細設定」のところで、「登録されている拡張子は表示しない」のチェックを外してください。
4. [RStudioのダウンロードサイト](#)をクリックし、「RStudio-2022.02.1-461.exe」と酷似したファイル名のものをクリック。



インストール | R本体とRStudio | 最新版 | Mac用 **NEW**

最新版（リリース版のこと）は、下記手順を実行します。インストールが無事完了したら、Finderを起動して、左のメニューの「アプリケーション」をクリックすると、Rのアイコンが作成されていることが確認できます。2022年03月28日現在の最新版は、[R-4.1.3.pkg](#)です。

1. <http://cran.r-project.org/bin/macosx/>の「R-4.X.Y.pkg」をクリック。（XやY中の数値はバージョンによって異なります）
2. ダウンロードしたファイルをダブルクリックして、基本的には「次へ」などを押しながらインストールを完了させる
3. 「Finder」 - 「環境設定」 - 「詳細」タブのところで「すべてのファイル名拡張子を表示」にチェックを入れる。
4. [RStudioのダウンロードサイト](#)をクリックし、「RStudio-2022.02.1-461.dmg」と酷似したファイル名のものを[トップページへ](#)

RStudioのインストール2

RStudio Desktop
2022.02.1+461

- [Release Notes](#)

1. Install R. [RStudio requires R 3.3.0+](#)
2. Download RStudio Desktop.

DOWNLOAD RSTUDIO FOR WINDOWS
2022.02.1+461 | 177.27MB

Requires Windows 10/11 (64-bit)

All Installers

RStudioのインストール3

①をクリック。②をクリック。ダウンロードが完了するとこのように見えるので、③をクリックして実行。④次へ。

The screenshot shows a web browser window at rstudio.com/products/rstudio/download/#download and an RStudio Setup Wizard window.

Web Browser Window:

- Page title: RStudio Desktop 2022.02.1+461
- Buttons: [Release Notes](#), [DOWNLOAD RSTUDIO 2022.02.1+461](#)
- Text: Requires Windows 10/11 (64-bit)

RStudio セットアップ ウィザード (RStudio Setup Wizard):

- Title: RStudio セットアップ
- Text: RStudio セットアップ ウィザードへようこそ
- Text: このウィザードは、RStudioのインストールをガイドしていきます。
- Text: セットアップを開始する前に、他のすべてのアプリケーションを終了することを推奨します。これによってセットアップがコンピュータを再起動せずに、システム ファイルを更新することが出来るようになります。
- Text: 続けるには [次へ] をクリックして下さい。
- Buttons: [次へ\(N\) >](#), [キャンセル](#)

Taskbar:

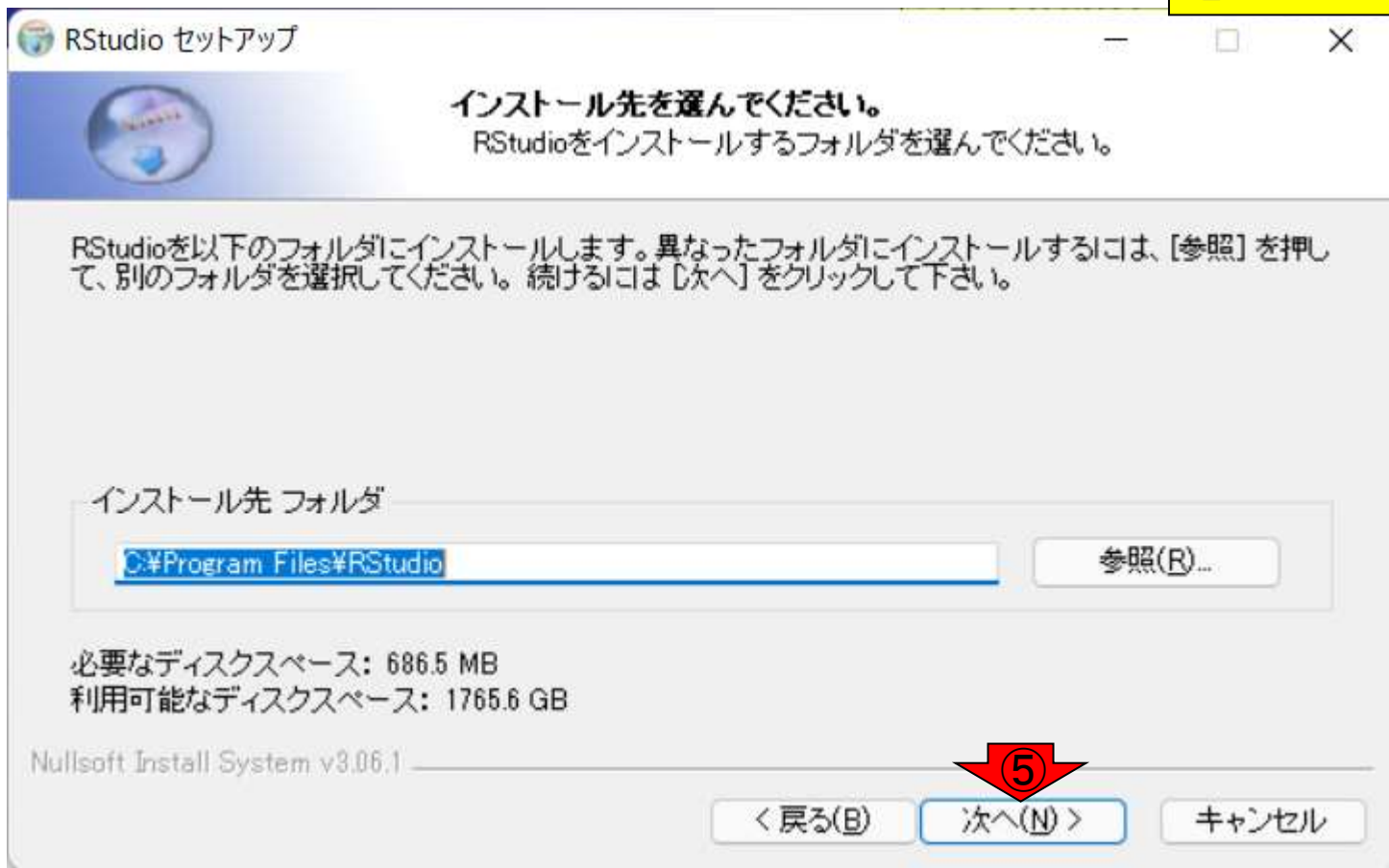
- Taskbar icon: RStudio-2022.02.1....exe
- Button: [すべて表示](#)

Annotations:

- Red arrow with ③ points to the [DOWNLOAD RSTUDIO](#) button.
- Red arrow with ④ points to the [次へ\(N\) >](#) button.

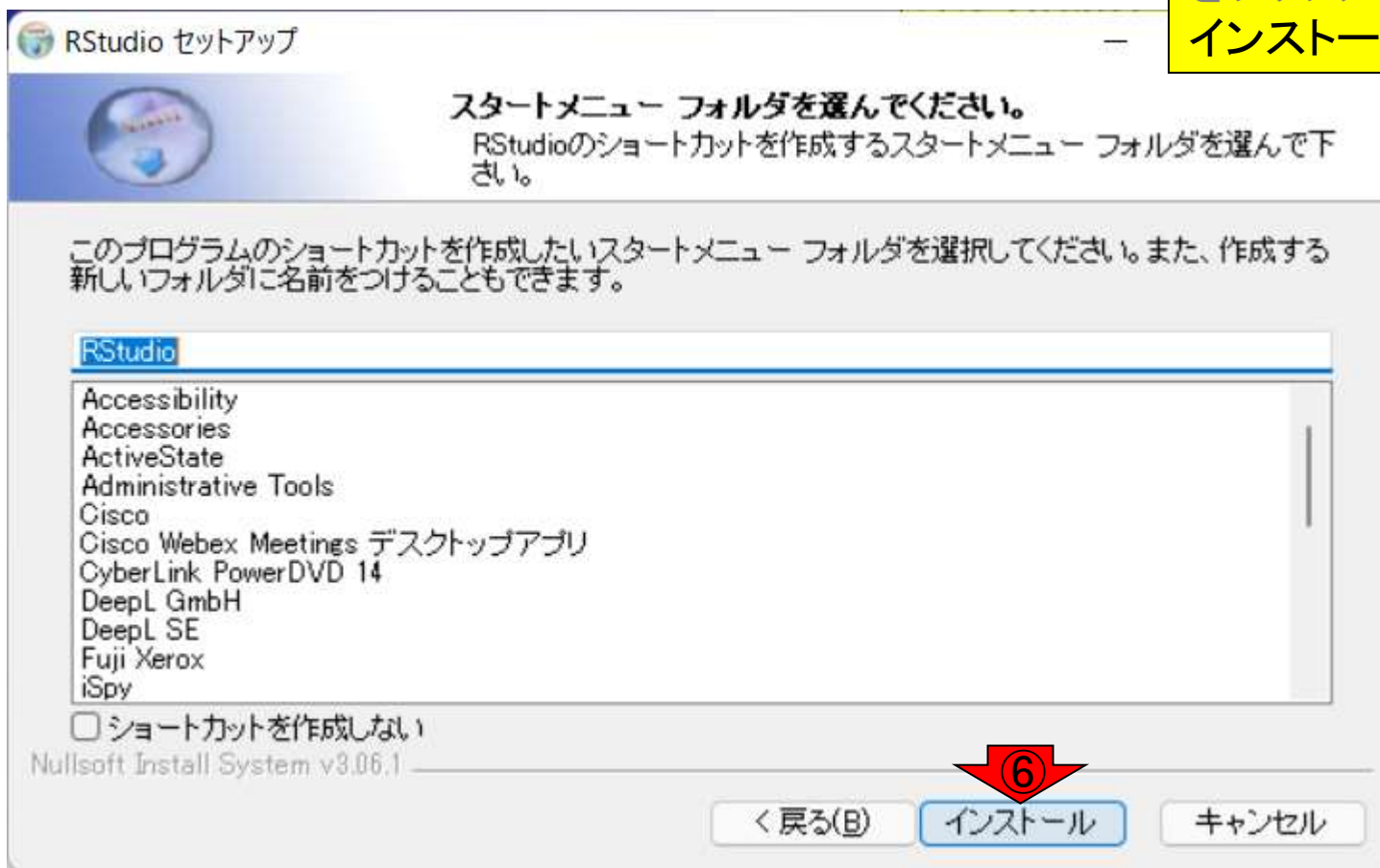
RStudioのインストール4

①をクリック。②をクリック。ダウンロードが完了するとこのように見えるので、③をクリックして実行。④次へ。⑤次へ。



RStudioのインストール5

①をクリック。②をクリック。ダウンロードが完了するとこのように見えるので、③をクリックして実行。④次へ。⑤次へ。⑥インストール。



RStudioのインストール6

①をクリック。②をクリック。ダウンロードが完了するとこのように見えるので、③をクリックして実行。④次へ。⑤次へ。⑥インストール。約1分。⑦完了。



Contents

- 事前準備: 古いR情報の削除(任意)
- R本体のインストール
- PC環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- パッケージの依存関係
- インストール確認
- エラーへの対処(パッケージの個別インストール)

RStudioの起動1

この部分の見え方はひとそれぞれだと思いますが、**重要なのは①RStudioを起動するときに「②管理者として実行」**することです。これを徹底しないとパッケージのインストール時に不具合に遭遇しやすいからです。

検索するには、ここに入力します

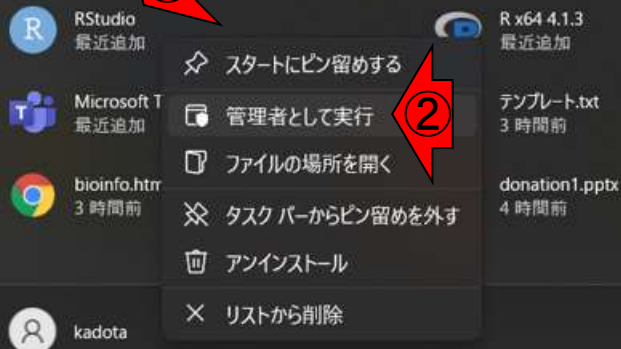
ピン留め済み

すべてのアプリ >

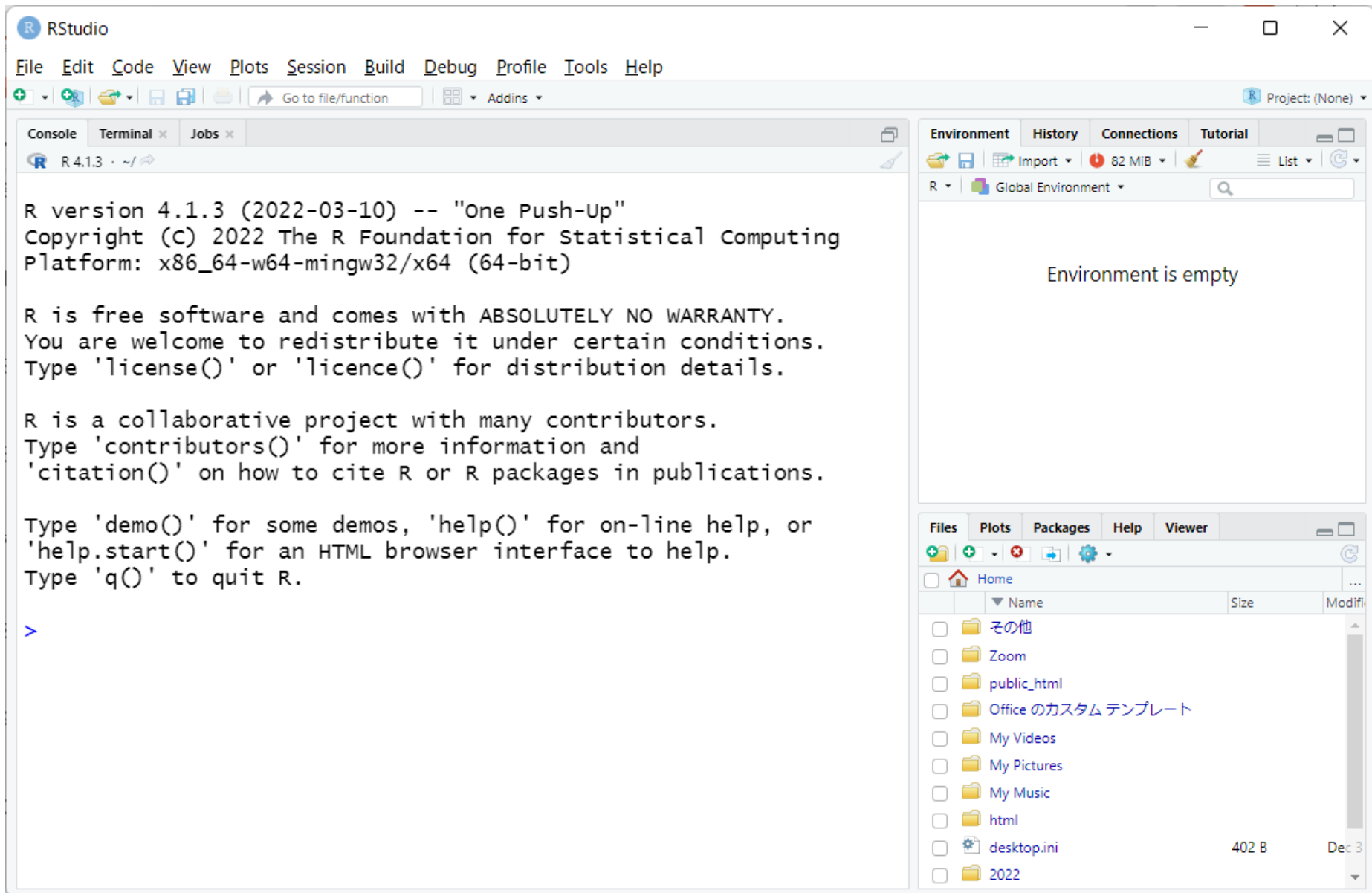


おすすめ

その他 >



RStudioの起動2



The screenshot shows the RStudio interface. The console pane on the left displays the following text:

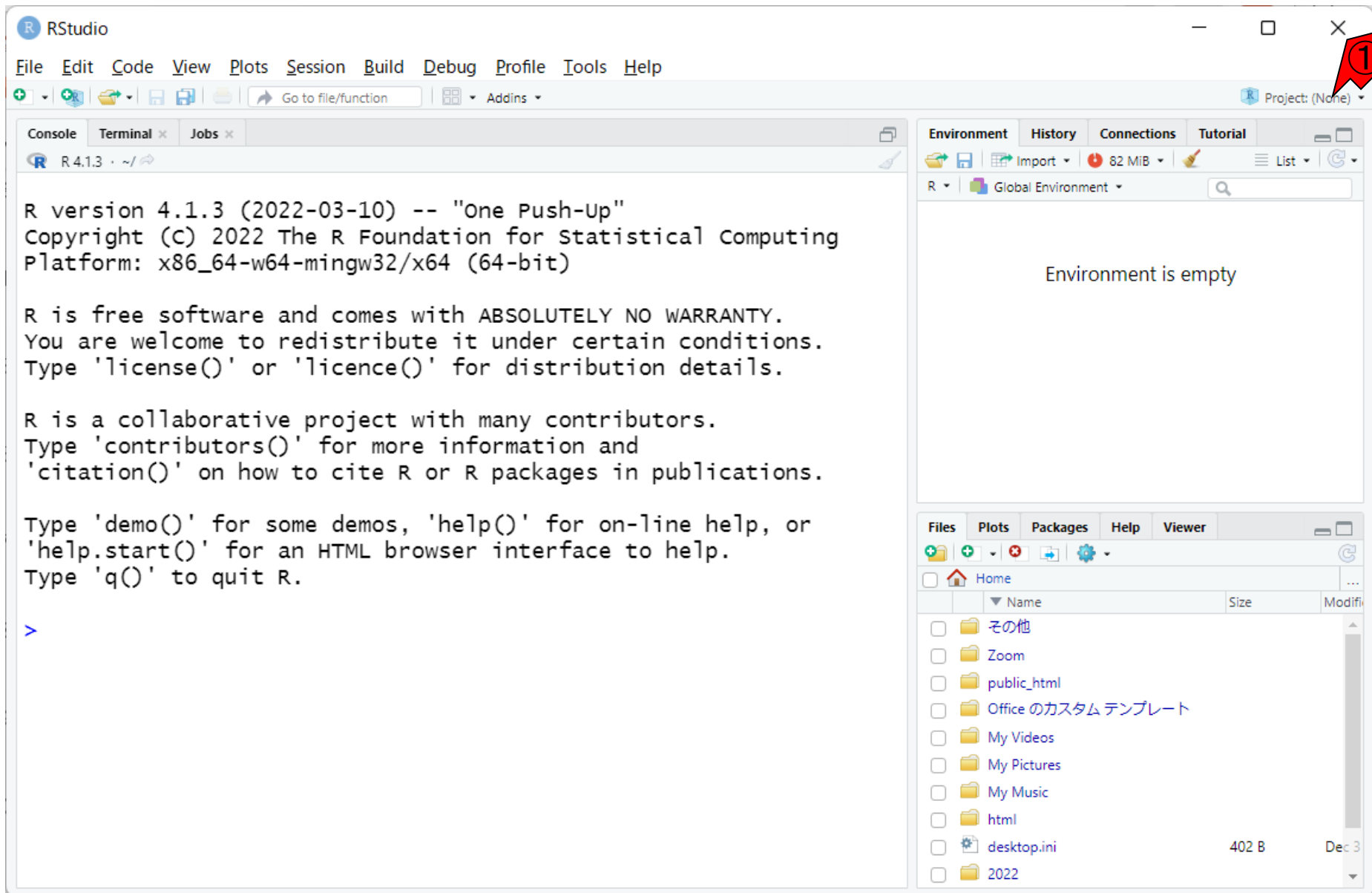
```
R version 4.1.3 (2022-03-10) -- "One Push-Up"  
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing  
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)  
  
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.  
You are welcome to redistribute it under certain conditions.  
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.  
  
R is a collaborative project with many contributors.  
Type 'contributors()' for more information and  
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.  
  
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or  
'help.start()' for an HTML browser interface to help.  
Type 'q()' to quit R.  
  
>
```

The environment pane on the right shows "Global Environment" and "Environment is empty". The file explorer at the bottom right shows the "Home" directory with the following files and folders:

Name	Size	Modified
その他		
Zoom		
public_html		
Officeのカスタム テンプレート		
My Videos		
My Pictures		
My Music		
html		
desktop.ini	402 B	Dec 3
2022		

RStudioの終了

RStudioの終了は、通常のソフトウェアと同様に、①×ボタンを押せばよいです。



The screenshot shows the RStudio application window. The console pane on the left displays the R version information and license details. The environment pane on the right shows that the environment is empty. A red arrow with the number 1 points to the close button (X) in the top right corner of the RStudio window.

```
R version 4.1.3 (2022-03-10) -- "One Push-Up"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

>
```

Environment is empty

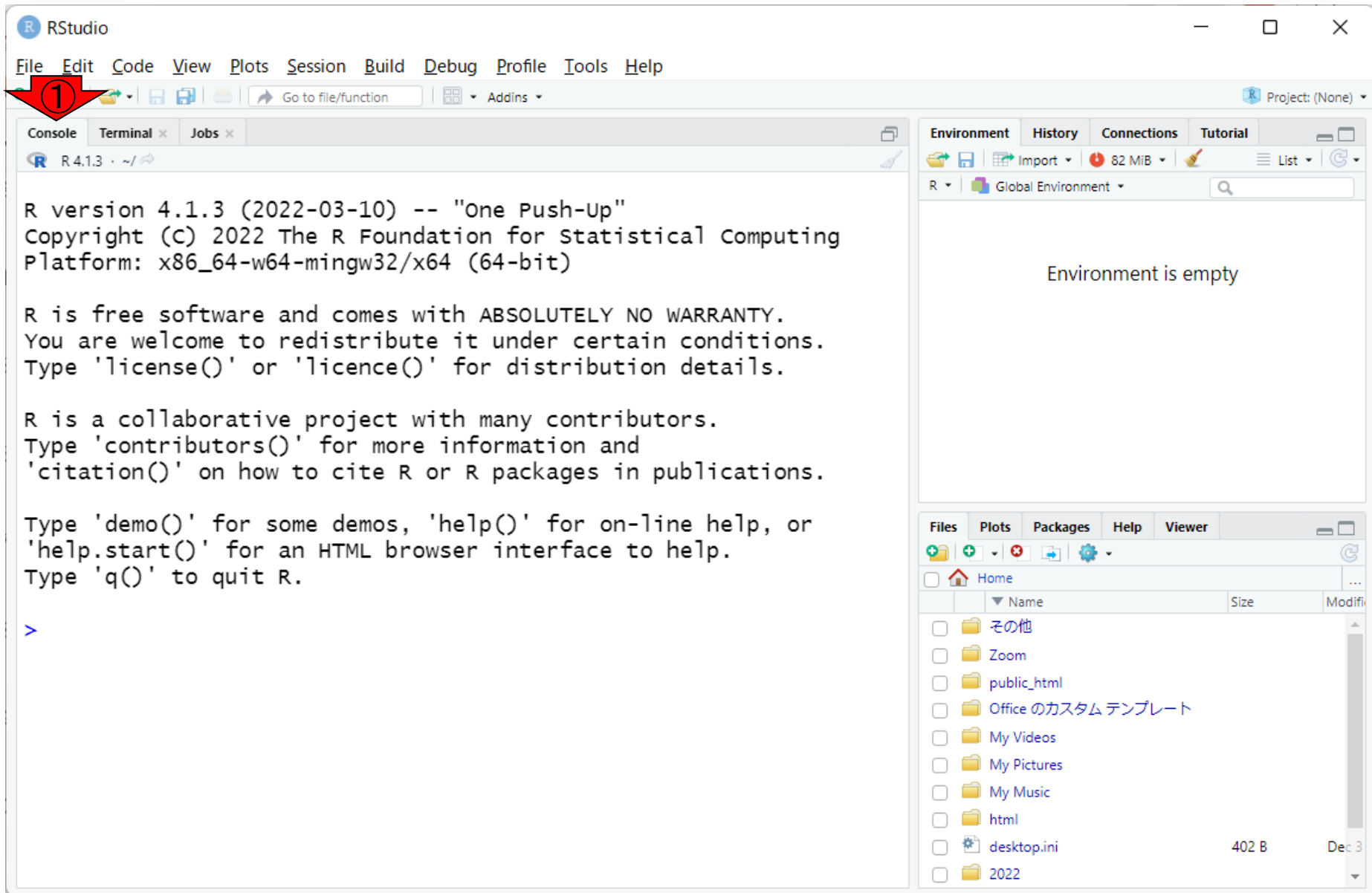
Name	Size	Modifi
その他		
Zoom		
public_html		
Officeのカスタム テンプレート		
My Videos		
My Pictures		
My Music		
html		
desktop.ini	402 B	Dec 3
2022		

Contents

- 事前準備: 古いR情報の削除(任意)
- R本体のインストール
- PC環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- パッケージの依存関係
- インストール確認
- エラーへの対処(パッケージの個別インストール)

再度起動した状態。①Consoleというタブがアクティブになっていることがわかります。

画面の説明1



The screenshot shows the RStudio application window. The title bar reads "RStudio". The menu bar includes "File", "Edit", "Code", "View", "Plots", "Session", "Build", "Debug", "Profile", "Tools", and "Help". The toolbar contains icons for file operations and a search bar. The "Console" tab is selected and highlighted with a red circle containing the number "1". The console output displays the R version information and license details. The Environment pane on the right shows "Global Environment" and "Environment is empty". The Files pane at the bottom shows a directory listing of the user's home directory.

```
R version 4.1.3 (2022-03-10) -- "One Push-Up"  
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing  
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)  
  
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.  
You are welcome to redistribute it under certain conditions.  
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.  
  
R is a collaborative project with many contributors.  
Type 'contributors()' for more information and  
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.  
  
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or  
'help.start()' for an HTML browser interface to help.  
Type 'q()' to quit R.  
  
>
```

Name	Size	Modifi
その他		
Zoom		
public_html		
Officeのカスタム テンプレート		
My Videos		
My Pictures		
My Music		
html		
desktop.ini	402 B	Dec 3
2022		

画面の説明2

再度起動した状態。①Consoleというタブがアクティブになっていることがわかります。②Consoleタブがアクティブになっている状態の②赤枠部分を「Console画面」といいます。

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. Below the menu bar is a toolbar with icons for file operations and a search bar. The main workspace is divided into several panels. On the left, the Console panel is active, displaying the R startup message and a prompt. On the right, the Environment panel is active, showing that the environment is empty. Below the Environment panel is the Files panel, which displays a file explorer view of the user's home directory.

```
R version 4.1.3 (2022-03-10) -- "One Push-Up"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

>
```

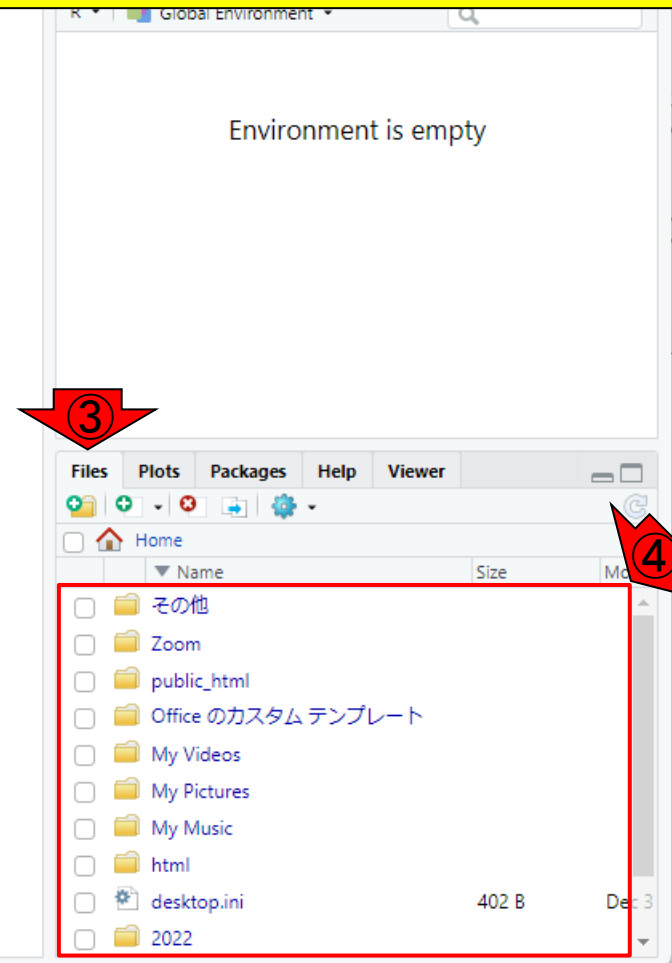
Environment is empty

Name	Size	Modifi
その他		
Zoom		
public_html		
Office のカスタム テンプレート		
My Videos		
My Pictures		
My Music		
html		
desktop.ini	402 B	Dec 3
2022		

画面の説明3

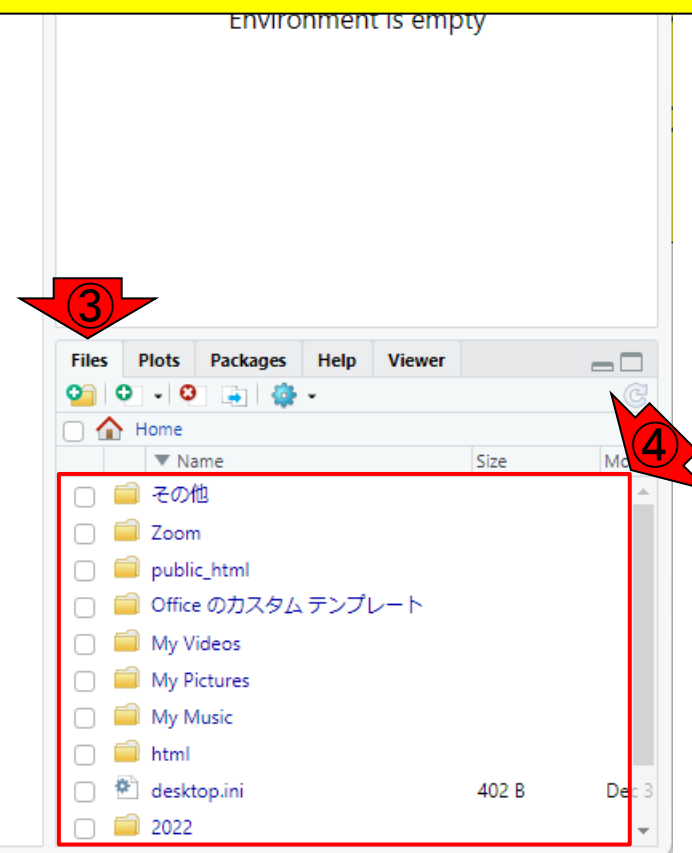
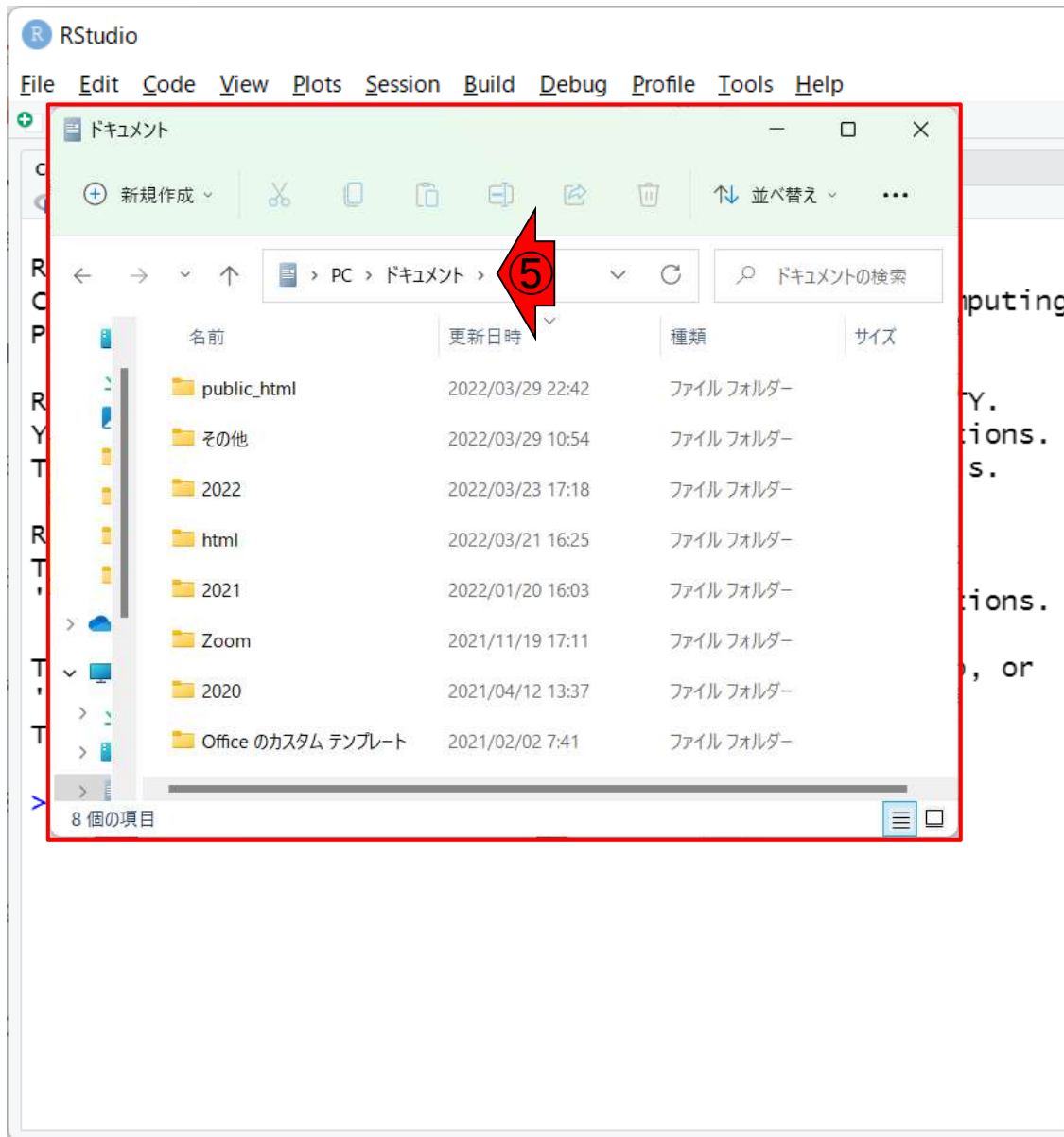
再度起動した状態。①Consoleというタブがアクティブになっていることがわかります。②Consoleタブがアクティブになっている状態の③赤枠部分を「Console画面」といいます。③Filesというタブがアクティブになっていることがわかります。④この赤枠内で見えているものはヒトそれぞれです。

```
RStudio  
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help  
Go to file/function Addins  
Console Terminal Jobs  
R 4.1.3 · ~/  
R version 4.1.3 (2022-03-10) -- "One Push-Up"  
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing  
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)  
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.  
You are welcome to redistribute it under certain conditions.  
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.  
R is a collaborative project with many contributors.  
Type 'contributors()' for more information and  
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.  
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or  
'help.start()' for an HTML browser interface to help.  
Type 'q()' to quit R.  
>
```



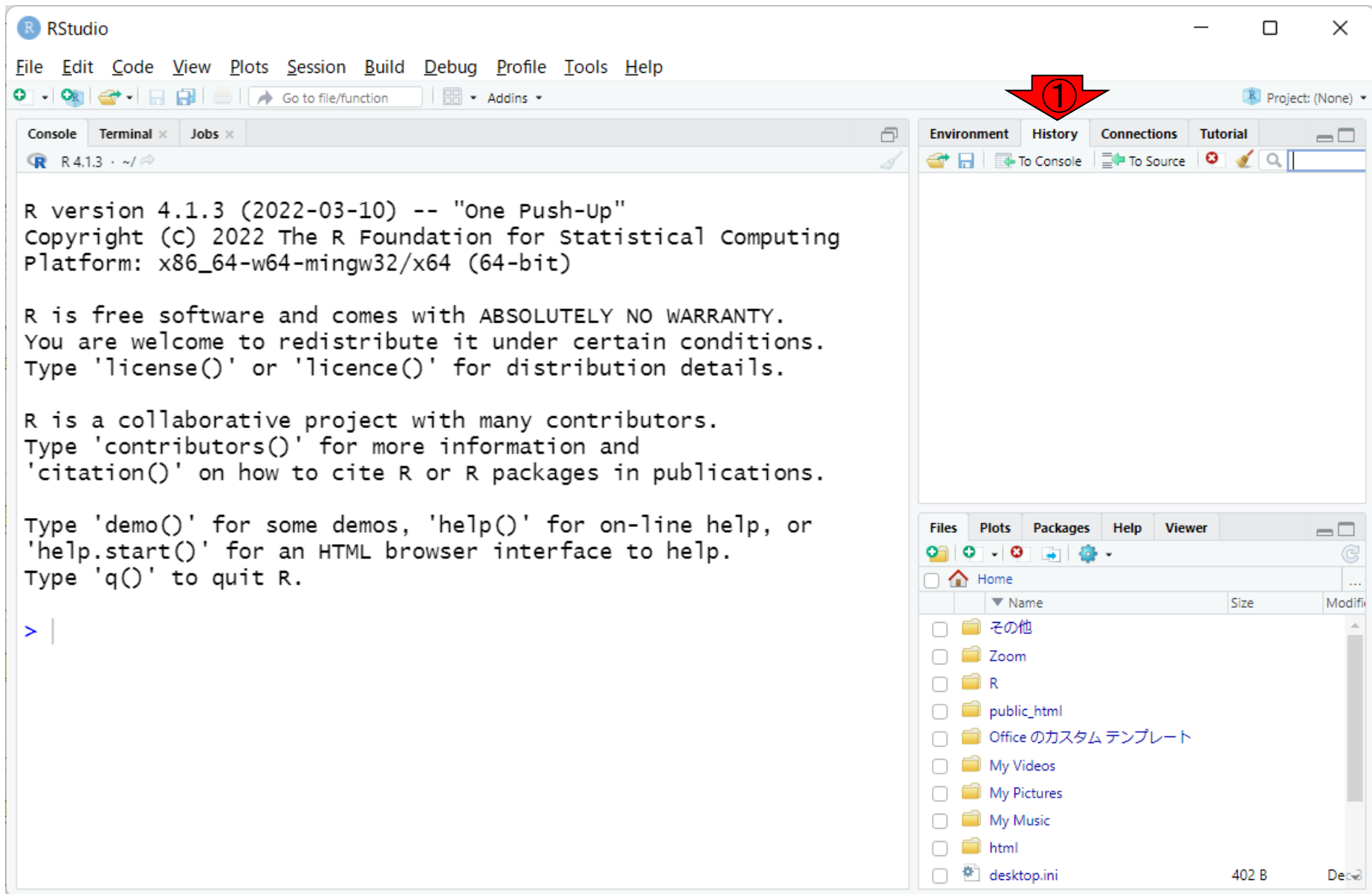
画面の説明4

再度起動した状態。①Consoleというタブがアクティブになっていることがわかります。② Consoleタブがアクティブになっている状態の②赤枠部分を「Console画面」といいます。③Filesというタブがアクティブになっていることがわかります。④この赤枠内で見えているものはヒトそれぞれです。正確には、おそらくデフォルトでは⑤ドキュメントフォルダの中身が表示されます。



画面の説明5

まだよくわからなくても大丈夫ですが…①
Historyタブをアクティブにした状態です。



The screenshot shows the RStudio interface. The main console window displays the R version 4.1.3 (2022-03-10) -- "One Push-Up" and copyright information. The History tab is active in the top right pane, indicated by a red arrow with the number 1. The bottom right pane shows a file explorer view of the Home directory.

R version 4.1.3 (2022-03-10) -- "One Push-Up"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> |

Environment History Connections Tutorial
To Console To Source

Files Plots Packages Help Viewer
Home
Name Size Modifi
その他
Zoom
R
public_html
Officeのカスタム テンプレート
My Videos
My Pictures
My Music
html
desktop.ini 402 B Dec

画面の説明6

まだよくわからなくても大丈夫ですが…①
Historyタブをアクティブにした状態です。
ここには②Console画面上で行った作業履
歴(つまりHistory)が記録されてゆきます。

The screenshot shows the RStudio interface. The Console panel on the left contains the following text:

```
R version 4.1.3 (2022-03-10) -- "One Push-Up"  
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing  
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)  
  
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.  
You are welcome to redistribute it under certain conditions.  
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.  
  
R is a collaborative project with many contributors.  
Type 'contributors()' for more information and  
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.  
  
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or  
'help.start()' for an HTML browser interface to help.  
Type 'q()' to quit R.  
  
> |
```

The History panel on the right is active, showing a list of files in the Home directory:

Name	Size	Modifi
その他		
Zoom		
R		
public_html		
Officeのカスタム テンプレート		
My Videos		
My Pictures		
My Music		
html		
desktop.ini	402 B	Dec

Red arrows with numbers 1 and 2 point to the History tab and the Console panel, respectively.

画面の説明7

まだよくわからなくても大丈夫ですが…①
Historyタブをアクティブにした状態です。
ここには②Console画面上で行った作業履
歴(つまりHistory)が記録されてゆきます。
例えば③1+1を実行すると、④も反映される。

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. Below the menu bar is a toolbar with icons for file operations and a search bar. The main workspace is divided into several panels. On the left, the Console panel is active, displaying the R version information and license text. A red arrow labeled '2' points to the Console panel. The Console output shows the R version 4.1.3 (2022-03-10) and the license text. Below the license text, the command `> 1+1` is entered, and the output `[1] 2` is displayed. A red arrow labeled '3' points to the command input. On the right, the History panel is active, showing the command `1+1` and its output `[1] 2`. A red arrow labeled '4' points to the output in the History panel. Below the History panel is the Files panel, which shows a file explorer view of the user's home directory. The Files panel includes tabs for Files, Plots, Packages, Help, and Viewer. The file explorer shows a list of folders and files, including 'その他', 'Zoom', 'R', 'public_html', 'Officeのカスタム テンプレート', 'My Videos', 'My Pictures', 'My Music', 'html', and 'desktop.ini'. The 'desktop.ini' file is highlighted, showing a size of 402 B and a modification date of Dec 2021.

```
R version 4.1.3 (2022-03-10) -- "One Push-Up"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> 1+1
[1] 2
> |
```

画面の説明8

⑤は「2+2の実行結果をoutというもの(オブジェクトと呼びます)に格納せよ」という指令です。

The screenshot shows the RStudio interface. The console pane on the left displays the R version information and the execution of two R commands. The environment pane on the right shows the result of the second command. A red arrow with the number 5 points to the second command in the console.

```
R version 4.1.3 (2022-03-10) -- "One Push-Up"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> 1+1
[1] 2
> out <- 2+2
>
```

Environment

```
1+1
out <- 2+2
```

Files

	Name	Size	Modifi
<input type="checkbox"/>	その他		
<input type="checkbox"/>	Zoom		
<input type="checkbox"/>	R		
<input type="checkbox"/>	public_html		
<input type="checkbox"/>	Officeのカスタム テンプレート		
<input type="checkbox"/>	My Videos		
<input type="checkbox"/>	My Pictures		
<input type="checkbox"/>	My Music		
<input type="checkbox"/>	html		
<input type="checkbox"/>	desktop.ini	402 B	Dec

画面の説明9

⑤は「2+2の実行結果をoutというもの(オブジェクトと呼びます)に格納せよ」という指令です。⑥Environmentタブをアクティブにすると、現在利用可能なオブジェクトの名前とその中身の情報が見られることがわかります。

The screenshot shows the RStudio interface. The console window displays the R version information and the execution of the command `out <- 2+2`, which results in the value 4. A red arrow labeled ⑤ points to the command line. The Environment pane on the right shows the 'Global Environment' with a table of values containing the object 'out' with the value 4. A red arrow labeled ⑥ points to the Environment tab. The Files pane at the bottom shows the file explorer view.

```
R version 4.1.3 (2022-03-10) -- "One Push-Up"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> 1+1
[1] 2
> out <- 2+2
>
```

Values	
out	4

画面の説明10

⑤は「2+2の実行結果をoutというもの(オブジェクトと呼びます)に格納せよ」という指令です。⑥Environmentタブをアクティブにすると、現在利用可能なオブジェクトの名前とその中身の情報が見られることがわかります。もちろん、⑦のように利用可能なオブジェクト名を直接打ち込んで確認してもOK。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal x Jobs x

R 4.1.3 · ~ /

```
R version 4.1.3 (2022-03-10) -- "One Push-Up"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)
```

```
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.
```

```
R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.
```

```
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.
```

```
> 1+1
[1] 2
> out <- 2+2
> out
[1] 4
> |
```



```
1+1
out <- 2+2
out
```

Files Plots Packages Help Viewer

Home

	Name	Size	Modifi
<input type="checkbox"/>	その他		
<input type="checkbox"/>	Zoom		
<input type="checkbox"/>	R		
<input type="checkbox"/>	public_html		
<input type="checkbox"/>	Officeのカスタム テンプレート		
<input type="checkbox"/>	My Videos		
<input type="checkbox"/>	My Pictures		
<input type="checkbox"/>	My Music		
<input type="checkbox"/>	html		
<input type="checkbox"/>	desktop.ini	402 B	Dec

Contents

- 事前準備: 古いR情報の削除(任意)
- R本体のインストール
- PC環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- 画面の説明
- **パッケージ群のインストール**
- パッケージの依存関係
- インストール確認
- エラーへの対処(パッケージの個別インストール)

パッケージ群の...1

ここまでで、①R本体とRStudioのインストールが終わっています。次は、②このサイトやアグリバイオの講義で使用する予定のパッケージ群のインストールを行います。②をクリック。実際には利用しないものも含まれてはいますがご容赦ください。

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2022/03/30, since 2010)

このウェブページのR関連部分は、[インストール | についての推奨手順](#) (Windows2019.10.09版とMacintosh2021.04.01版)に従ってフリーソフトRと必要なパッケージをインストール済みであるという前提で記述しています。初心者の方は[基本的な利用法](#) (Windowsの2020.03.06版の[PPTX](#)と[PDF](#); Macintosh2019.03.12版の[PPTX](#)と[PDF](#))で自習してください。2018年7月に[\(Rで\)塩基配列解析](#)の一部(講習会・書籍・学会誌など)を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? (過去のお知らせはこちら)

- 遺伝子クラスタリングに基づく発現変動遺伝子検出法の論文(Osabe et al., BMC Bioinformatics, 2021)のプログラムをおいている[MBCdegのGitHubサイト](#)に中のコードに存在していたミスを修正しました(RNASeq.Data関数実行部分でNormalizerオプションに与える情報がlog2(size.factors)だったのをlog(size.factors)に変更)。(2022/01/22)

- [はじめに](#) (last modified 2022/03/28) **NEW**
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2022/03/28) **NEW**
- [インストール | について](#) (last modified 2021/04/07)
- インストール | R本体とRStudio | 最新版 | [Win用](#) (last modified 2022/03/28) 推奨 **NEW**
- インストール | R本体とRStudio | 最新版 | [Mac用](#) (last modified 2022/03/28) 推奨 **NEW**
- インストール | R本体 | 過去版 | [Win用](#) (last modified 2015/03/22)
- インストール | R本体 | 過去版 | [Mac用](#) (last modified 2015/03/22)
- [インストール | Rパッケージ | について](#) (last modified 2018/11/13)
- インストール | Rパッケージ | [必要最小限プラスアルファ](#) (last modified 2022/03/30) 推奨 **NEW**
- インストール | Rパッケージ | [個別\(2018年11月以降\)](#) (last modified 2018/11/12)

[トップページへ](#)

パッケージ群の...2

ここまでで、①R本体とRStudioのインストールが終わっています。次は、②このサイトやアグリバイオの講義で使用する予定のパッケージ群のインストールを行います。②をクリック。実際には利用しないものも含まれてはいますがご容赦ください。こんな感じになります。③RStudioの起動。

(Rで)塩基配列解析

x +

← → ↻ iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_minimum_plusalpha

インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ **NEW**

アグリバイオで所有するノートPCは、Rパッケージの2大リポジトリであるCRANとBioconductor (およびGitHub) から提供されている以下のパッケージ群をインストールしています。30分程度でインストールが完了します(自宅の光の無線LAN環境)。

1. RStudioを起動

③

2. パッケージ群のインストール

以下を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。どこからダウンロードするか?と聞かれるので、その場合は自分から近いサイトを指定。「no」の行に対するエラーは気にしないで大丈夫です (Mac対応です)。

```
#前処理(BiocManagerがなければインストール)
if (!requireNamespace("BiocManager", quietly=T))#BiocManagerパッケージがインストールされてなければ...
  install.packages("BiocManager") #BiocManagerをインストールせよ

#本番1(CRANから提供されているパッケージ群)
BiocManager::install("ape", update=F)
no
BiocManager::install("bio3d", update=F)
no
BiocManager::install("blockmodeling", update=F)
no
BiocManager::install("bit", update=F)
no
BiocManager::install("cclust", update=F)
no
BiocManager::install("class", update=F)
no
BiocManager::install("cluster", update=F)
no
BiocManager::install("clValid", update=F)
no
BiocManager::install("corrplot", update=F)
no
```

[トップページへ](#)

パッケージ群の...3

ここまでで、①R本体とRStudioのインストールが終わっています。次は、②このサイトやアグリバイオの講義で使用する予定のパッケージ群のインストールを行います。②をクリック。実際には利用しないものも含まれてはいますがご容赦ください。こんな感じになります。③RStudioの起動。起動完了。前回の状態のものでもOKです。

(Rで)塩基配列解析

iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_minimum_plusalpha

インストール | Rパッ

アグリバイオで所有するノートPCは、以下のパッケージ群をインストール

1. RStudioを起動

③

2. パッケージ群のインストール

以下を「R コンソール画面」上でサイトを指定。「no」の行に対する

```
#前処理(BiocManagerがなければ)
if (!requireNamespace("BiocManager", quietly = TRUE))
  install.packages("BiocManager")
```

```
#本番1(CRANから提供されている)
BiocManager::install("ape", quietly = TRUE)
no
BiocManager::install("bio3d", quietly = TRUE)
no
BiocManager::install("blockmodels", quietly = TRUE)
no
BiocManager::install("bit", quietly = TRUE)
no
BiocManager::install("cclus", quietly = TRUE)
no
BiocManager::install("class", quietly = TRUE)
no
BiocManager::install("clust", quietly = TRUE)
no
BiocManager::install("clval", quietly = TRUE)
no
BiocManager::install("corrplot", quietly = TRUE)
no
```

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools

Go to file/function Addins

Console Terminal x Jobs x

R 4.1.3 ~/

```
R version 4.1.3 (2022-03-10) -- "One Push-Up"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)
```

```
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.
```

```
R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.
```

```
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.
```

```
> 1+1
[1] 2
> out <- 2+2
> out
[1] 4
> |
```

```
1+1
out <- 2+2
out
```

Files Plots Packages Help Viewer

Home

	Name	Size	Modified
<input type="checkbox"/>	その他		
<input type="checkbox"/>	Zoom		
<input type="checkbox"/>	R		
<input type="checkbox"/>	public_html		
<input type="checkbox"/>	Officeのカスタム テンプレート		
<input type="checkbox"/>	My Videos		
<input type="checkbox"/>	My Pictures		
<input type="checkbox"/>	My Music		
<input type="checkbox"/>	html		
<input type="checkbox"/>	desktop.ini	402 B	Dec 2022

パッケージ群の...4

①パッケージ群のインストールを行います。
②赤枠部分を全て反転させてコピー。具体的には…

(Rで)塩基配列解析

iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_minimum_plusalpha

ゲスト (2)

更新

インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ **NEW**

アグリバイオで所有するノートPCは、Rパッケージの2大リポジトリであるCRANと Bioconductor (およびGithub) から提供されている以下のパッケージ群をインストールしています。30分程度でインストールが完了します(自宅の光の無線LAN環境)。

1. RStudioを起動



2. パッケージ群のインストール

以下を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。どこからダウンロードするか?と聞かれるので、その場合は自分から近いサイトを指定。「no」の行に対するエラーは気にしないで大丈夫です(Mac対応です)。



```
#前処理(BiocManagerがなければインストール)
if (!requireNamespace("BiocManager", quietly=T))#BiocManagerパッケージがインストールされてなければ...
  install.packages("BiocManager") #BiocManagerをインストールせよ

#本番1(CRANから提供されているパッケージ群)
BiocManager::install("ape", update=F)
no
BiocManager::install("bio3d", update=F)
no
BiocManager::install("blockmodeling", update=F)
no
BiocManager::install("bit", update=F)
no
BiocManager::install("cclust", update=F)
no
BiocManager::install("class", update=F)
no
BiocManager::install("cluster", update=F)
no
BiocManager::install("clValid", update=F)
no
BiocManager::install("corrplot", update=F)
no
```

[トップページへ](#)

The screenshot shows the RStudio interface. The console window displays the command '2+2' and the result '- 2+2'. The file explorer window shows a directory structure with folders like 'Zoom', 'R', 'public_html', 'Officeのカスタム テンプレート', 'My Videos', 'My Pictures', 'My Music', 'html', and 'desktop.ini'.

パッケージ群の...5

①パッケージ群のインストールを行います。
②赤枠部分を全て反転させてコピー。具体的には、こんな感じで③左上から...

(Rで)塩基配列解析

x +

← → ↻ iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_minimum_plusalpha

ゲスト (2)

更新

インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ **NEW**

アグリバイオで所有するノートPCは、Rパッケージの2大リポジトリであるCRANと Bioconductor (およびGithub) から提供されている以下のパッケージ群をインストールしています。30分程度でインストールが完了します(自宅の光の無線LAN環境)。

1. RStudioを起動

2. パッケージ群のインストール

③ 以下を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。どこからダウンロードするか?と聞かれるので、その場合は自分から近いサイトを指定。「no」の行に対するエラーは気にしないで大丈夫です(Mac対応です)。

```
#前処理(BiocManagerがなければインストール)
if (!requireNamespace("BiocManager", quietly=T))#BiocManagerパッケージがインストールされてなければ...
  install.packages("BiocManager") #BiocManagerをインストールせよ

#本番1(CRANから提供されているパッケージ群)
BiocManager::install("ape", update=F)
no
BiocManager::install("bio3d", update=F)
no
BiocManager::install("blockmodeling", update=F)
no
BiocManager::install("bit", update=F)
no
BiocManager::install("cclust", update=F)
no
BiocManager::install("class", update=F)
no
BiocManager::install("cluster", update=F)
no
BiocManager::install("clValid", update=F)
no
BiocManager::install("corrplot", update=F)
no
```

[トップページへ](#)

パッケージ群の...6

- ①パッケージ群のインストールを行います。
- ②赤枠部分を全て反転させてコピー。具体的には、こんな感じで③左上から、ず〜っと、
- ④最終行の###が連続しているところであればどこでもよいので、選択して(反転させて)

(Rで塩基配列解析) x +
iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_minimum_plusalpha

インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ **NEW**

アグリバイオで所有するノートPCは、Rパッケージの2大リポジトリであるCRANと Bioconductor (およびGithub) から提供されている以下のパッケージ群をインストールしています。30分程度でインストールが完了します(自宅の光の無線LAN環境)。

1. RStudioを起動

2. パッケージ群のインストール

以下を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。どこからダウンロードするか?と聞かれるので、その場合は自分から近いサイトを指定。「no」の行に対するエラーは気にしなくて大丈夫です(Mac対応です)。

```
BiocManager::install("topGO", update=F)
no
BiocManager::install("TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene", update=F)
no
BiocManager::install("vsn", update=F)
no
#本番2.5(上記以外の手段でインストールするパッケージ)
#devtools::install_github("andrewsali/plotlyBars", upgrade=F)
#devtools::install_github("aroneklund/beeswarm", upgrade=F)
#no
#devtools::install_github("edwindj/ffbase", subdir="pkg", upgrade=F)
#no
#reticulate::py_install("phate", pip=TRUE)
#no
#本番3(Bioconductorから提供されているゲノム配列パッケージ群)
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38", update=F)#ヒトゲノム(hg38)
no
#BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38", update=F)#ヒトゲノム(hg38)
#no
#####
```

4

[トップページへ](#)

パッケージ群の...7

- ①パッケージ群のインストールを行います。
- ②赤枠部分を全て反転させてコピー。具体的には、こんな感じで③左上から、ず〜っと、
- ③左上から、ず〜っと、
- ④最終行の###が連続しているところであればどこでもよいので、選択して(反転させて)、
- ⑤コピー。

(Rで)塩基配列解析 x +
iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_minimum_plusalpha

インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ **NEW**

アグリバイオで所有するノートPCは、Rパッケージの2大リポジトリであるCRANと Bioconductor (およびGithub) から提供されている以下のパッケージ群をインストールしています。30分程度でインストールが完了します(自宅の光の無線LAN環境)。

1. RStudioを起動

2. パッケージ群のインストール

以下を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。どこからダウンロードするか?と聞かれるので、その場合は自分から近いサイトを指定。「no」の行に対するエラーは気にしないで大丈夫です(Mac対応です)。

```
BiocManager::install("topGO", update=F)
no
BiocManager::install("TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene", update=F)
no
BiocManager::install("vsn", update=F)
no
#本番2.5(上記以外の手段でインストールするパッケージ)
#devtool
#devtool コピー(C) Ctrl+C
#no
#devtool Googleで「#前処理(BiocManagerがなければインストール) if (!...)」を検索(S)
#no
#reticula
#no 印刷(P)... Ctrl+P
#本番3(BiocManager)
#devtool 検証(I) Ctrl+Shift+I
#no
#BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38", update=F)#ヒトゲノム(hg38)
#no
#####
```

[トップページへ](#)

パッケージ群の...8

- ①パッケージ群のインストールを行います。
- ②赤枠部分を全て反転させてコピー。具体的には、こんな感じで③左上から、ず〜っと、
- ④最終行の###が連続しているところであればどこでもよいので、選択して(反転させて)、右クリックで、⑤コピー。
- ⑥R Console画面上(つまり赤枠内)で、右クリックで⑦ペースト。

(Rで)塩基配列解析

iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_minimum_plusalpha

インストール | Rパッ

アグリバイオで所有するノートPCに
ている以下のパッケージ群をインス

1. RStudioを起動

2. パッケージ群のインストール

以下を「R コンソール画面」上で
サイトを指定。「no」の行に対す

```
BiocManager::install("topGO",
no
BiocManager::install("TxDb.",
no
BiocManager::install("vsn",
no
#本番2.5(上記以外の手段でイン
#devtool
#devtool
#no
#devtool
#no
#reticu
#no
#本番3(B
BiocMan
no
#BiocManager::install("BSge
#no
#####
```

⑥

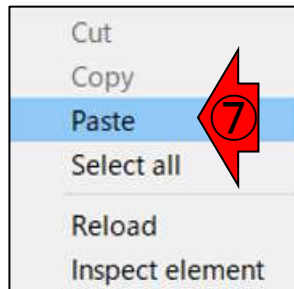
```
R version 4.1.3 (2022-03-10) -- "One Push-Up"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)
```

```
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.
```

```
R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.
```

```
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.
```

```
> 1+1
[1] 2
> out <- 2+2
> out
[1] 4
> |
```



```
1+1
out <- 2+2
out
```

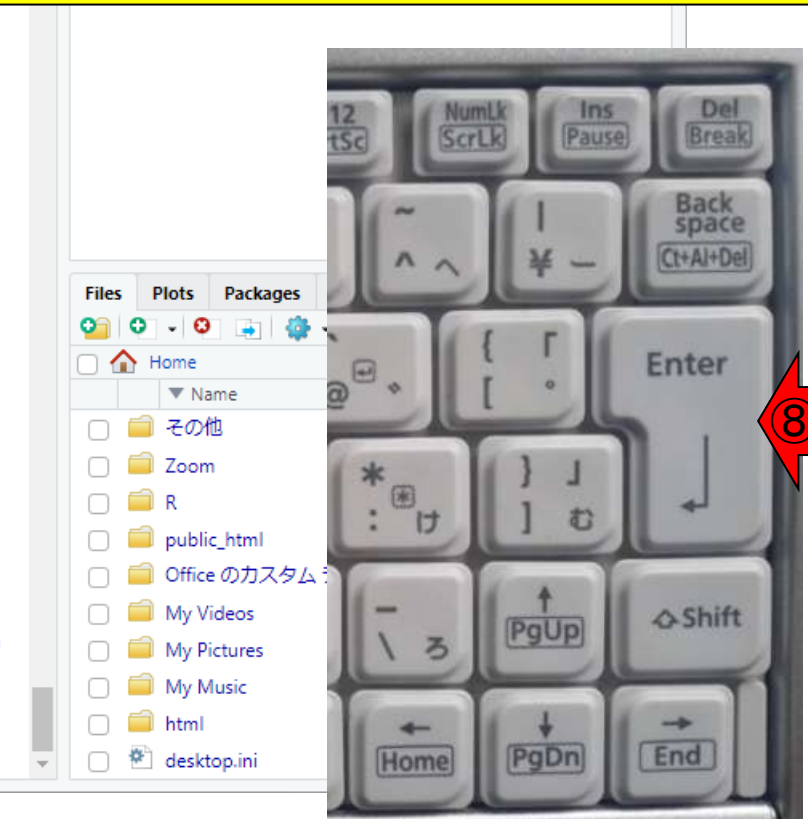
パッケージ群の...9

①パッケージ群のインストールを行います。
②赤枠部分を全て反転させてコピー。具体的には、こんな感じで③左上から、ず〜っと、
④最終行の###が連続しているところであればどこでもよいので、選択して(反転させて)、
右クリックで、⑤コピー。⑥R Console画面上(つまり赤枠内)で、右クリックで⑦ペースト。
こんな感じになります。まだコマンドが実行されていない状態ですので、⑧リターン(Enter)キーを押して実行します。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function
Addins
Console Terminal Jobs
R 4.1.3 ~
no
BiocManager::install("topGO", update=F)
no
BiocManager::install("TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene",
update=F)
no
BiocManager::install("vsn", update=F)
no

#本番2.5(上記以外の手段でインストールするパッケージ)
#devtools::install_github("andrewsali/plotlyBars", upgrade=F)
#devtools::install_github("aroneklund/beeswarm", upgrade=F)
#no
#devtools::install_github("edwindj/ffbase", subdir="pkg",
upgrade=F)
#no
#reticulate::py_install("phate", pip=TRUE)
#no

#本番3(Bioconductorから提供されているゲノム配列パッケージ群)
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38", update=F)
)#ヒトゲノム(hg38)
no
#BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38", update
=F)#ヒトゲノム(hg38)
#no
#####|
```



パッケージ群の...10

①パッケージ群のインストールを行います。
②赤枠部分を全て反転させてコピー。具体的には、こんな感じで③左上から、ず〜っと、
④最終行の###が連続しているところであればどこでもよいので、選択して(反転させて)、
右クリックで、⑤コピー。⑥R Console画面上(つまり赤枠内)で、右クリックで⑦ペースト。
こんな感じになります。まだコマンドが実行されていない状態ですので、⑧リターン(Enter)キーを押して実行します。インストールが始まりました。自宅の無線LAN環境で約45分。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal x Jobs x

R 4.1.3 ~\r

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

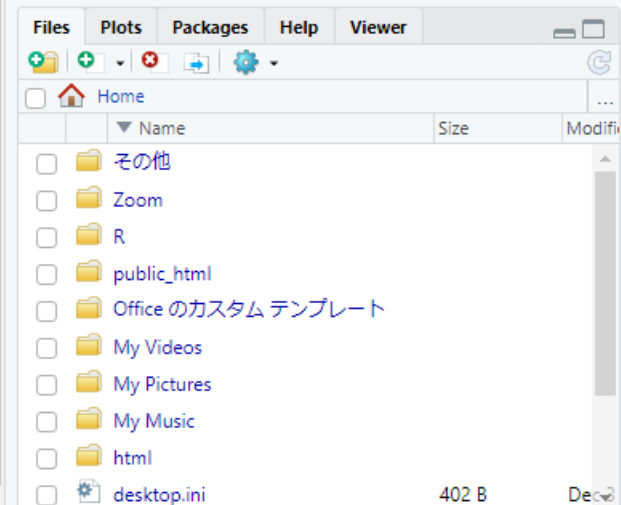
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

```
> 1+1
[1] 2
> out <- 2+2
> out
[1] 4
> #前処理(BiocManagerがなければインストール)
> if (!requireNamespace("BiocManager", quietly=T))#BiocManagerパ
ッケージがインストールされてなければ...
+   install.packages("BiocManager") #BiocManagerをインストー
ルせよ
```

WARNING: Rtools is required to build R packages but is not currently installed. Please download and install the appropriate version of Rtools before proceeding:

<https://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/>

パッケージを 'c:/Users/kadota/Documents/R/win-library/4.1' 中にインストールします
('lib' が指定されていないため)



パッケージ群の...11

終了後の状態。①プロンプト(>)のことで
が見えて、コマンド入力可能な状態になって
いればOKです。

RStudio interface showing the installation of the BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38 package. The console output is as follows:

```
R 4.1.3 ~\>
** R
** inst
** byte-compile and prepare package for lazy loading
** help
*** installing help indices
    converting help for package 'BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38'
      finding HTML links ... done
      package             html
** building package indices
** testing if installed package can be loaded from temporary loc
ation
** testing if installed package can be loaded from final locatio
n
** testing if installed package keeps a record of temporary inst
allation path
* DONE (BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38)

The downloaded source packages are in
  'C:\Users\kadota\AppData\Local\Temp\Rtmpu8Y9Nm\downloaded_packages'
> no
Error: object 'no' not found
> #BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38", update=
F)#ヒトゲノム(hg38)
> #no
> #####
> |
```

The environment pane shows the installed packages:

```
#devtools::install_github("ar...
#no
#devtools::install_github("edw...
#no
#reticulate::py_install("phate...
#no
#本番3(Bioconductorから提供されて...
BiocManager::install("BSgenome...
no
#BiocManager::install("BSgenom...
#no
#####
```

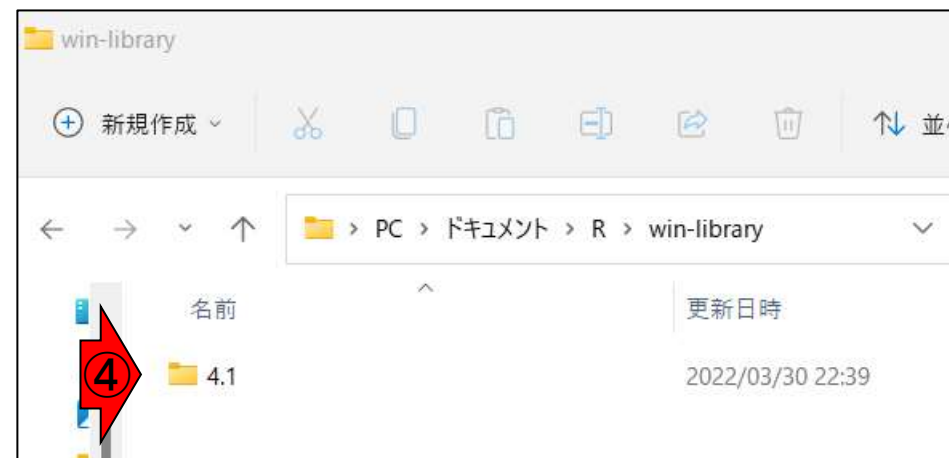
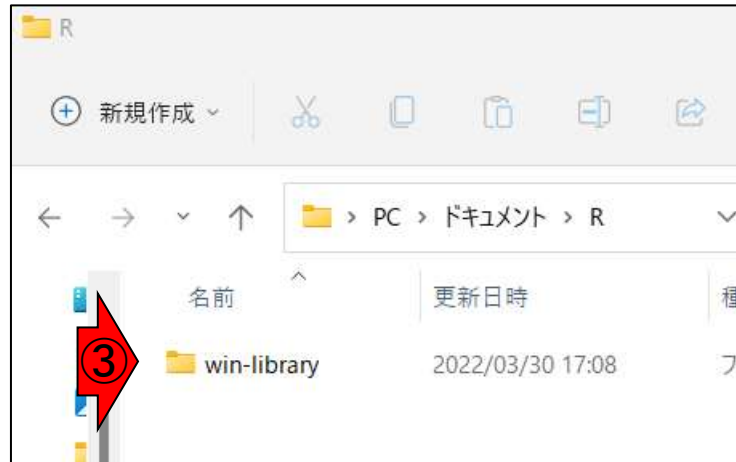
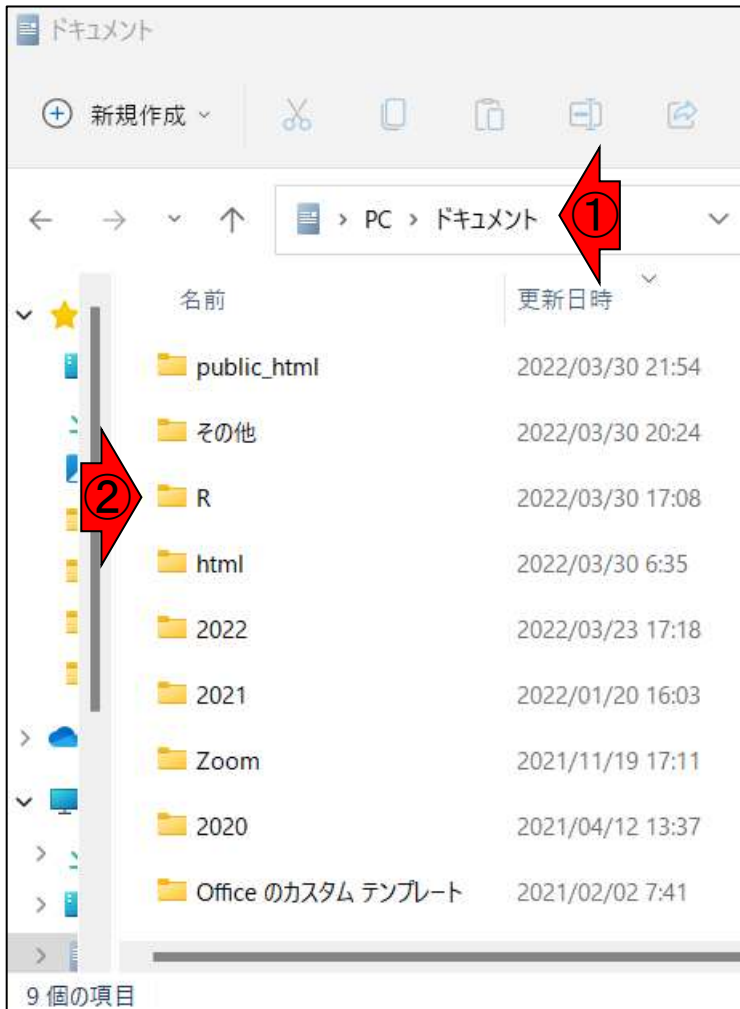
The file explorer shows the local file system:

Name	Size	Modif
その他		
Zoom		
R		
public_html		
Officeのカスタム テンプレート		
My Videos		
My Pictures		
My Music		
html		
desktop.ini	402 B	Dec

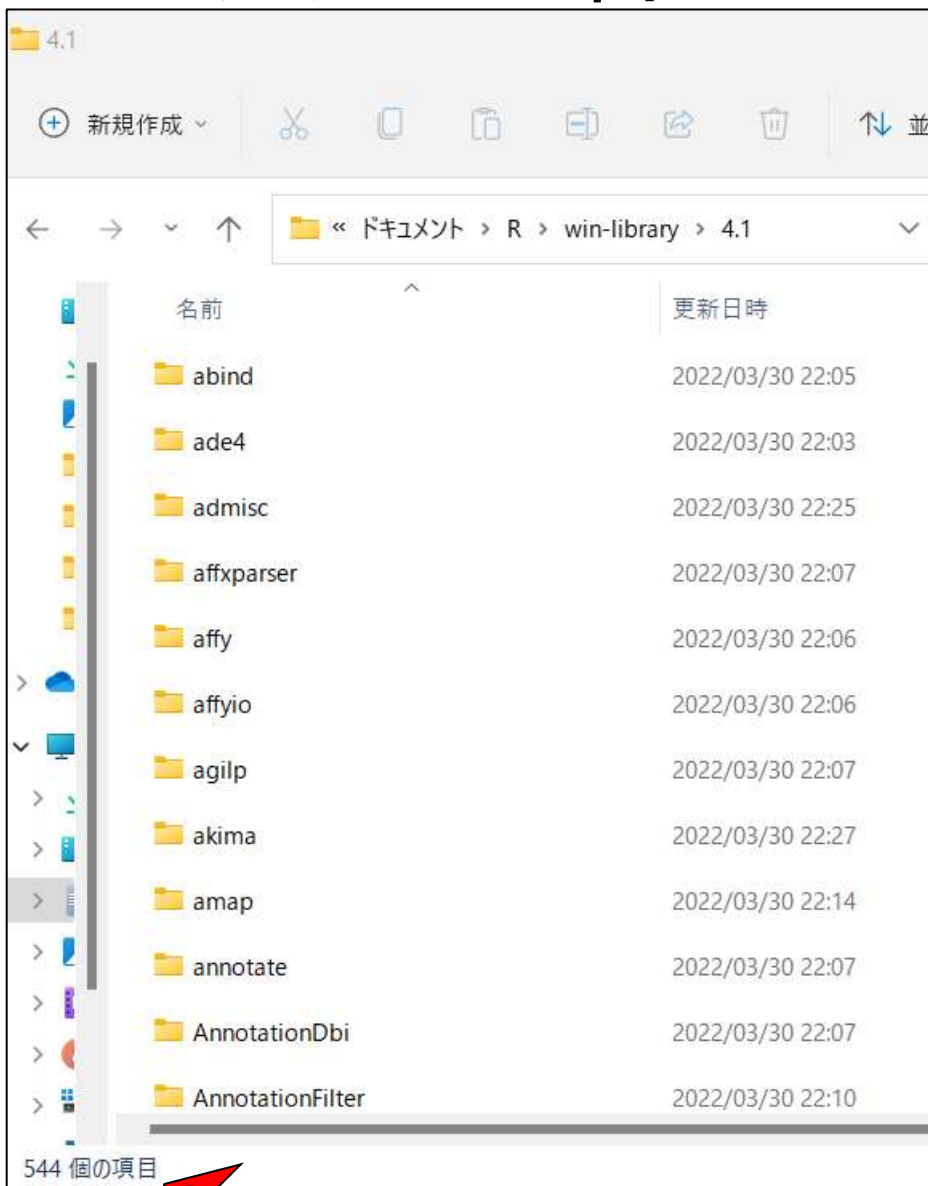


パッケージ群の...12

ヒトによってインストールされる場所が異なるようです。私が今回やったときは、①ドキュメントフォルダに自動的に作成された、②Rというフォルダ内の、③win-libraryの、④4.1というフォルダの中に...



パッケージ群の...13



ヒトによってインストールされる場所が異なるようです。私が今回やったときは、①ドキュメントフォルダに自動的に作成された、②Rというフォルダ内の、③win-libraryの、④4.1というフォルダの中に、こんな感じでパッケージごとのフォルダが、⑤このときは544個作成されました。ここまでで一区切りなので一旦終了しても大丈夫です。

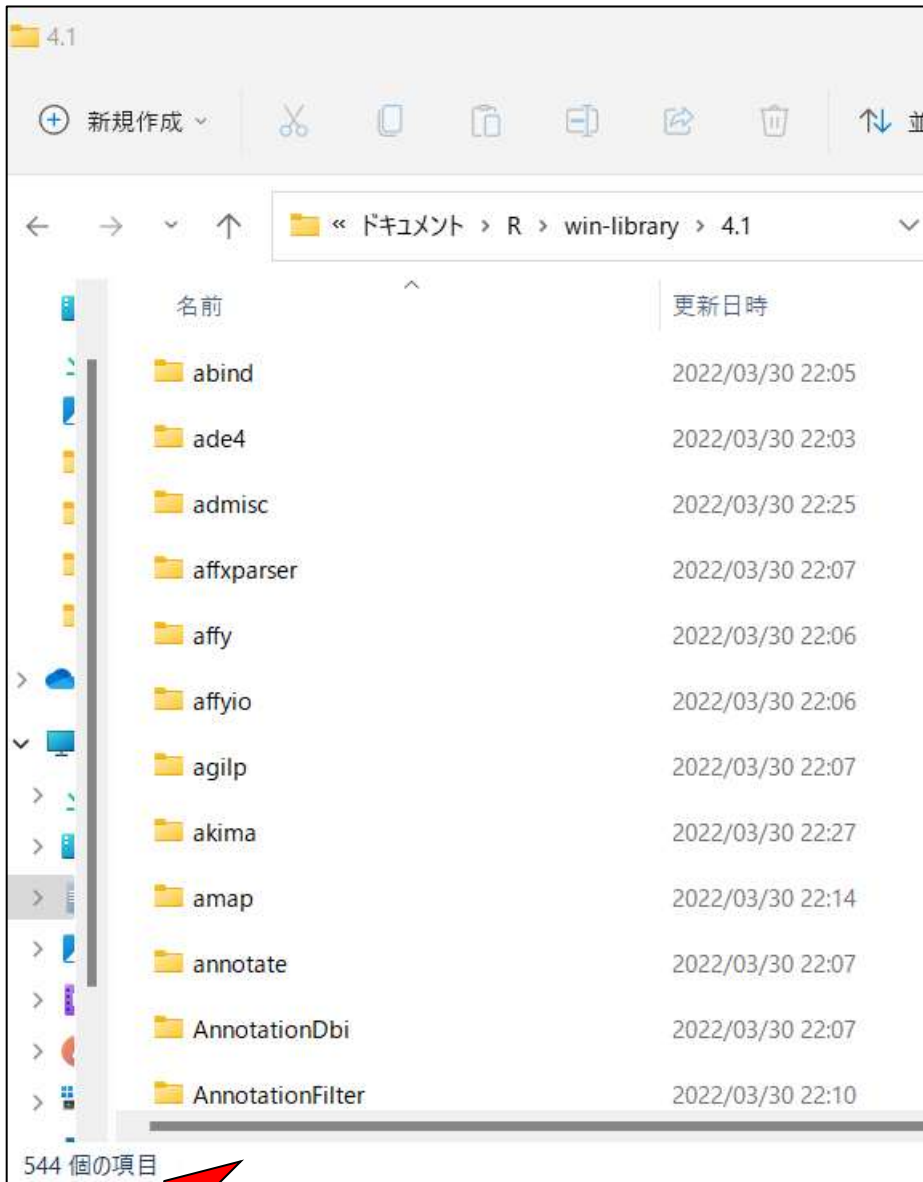


Contents

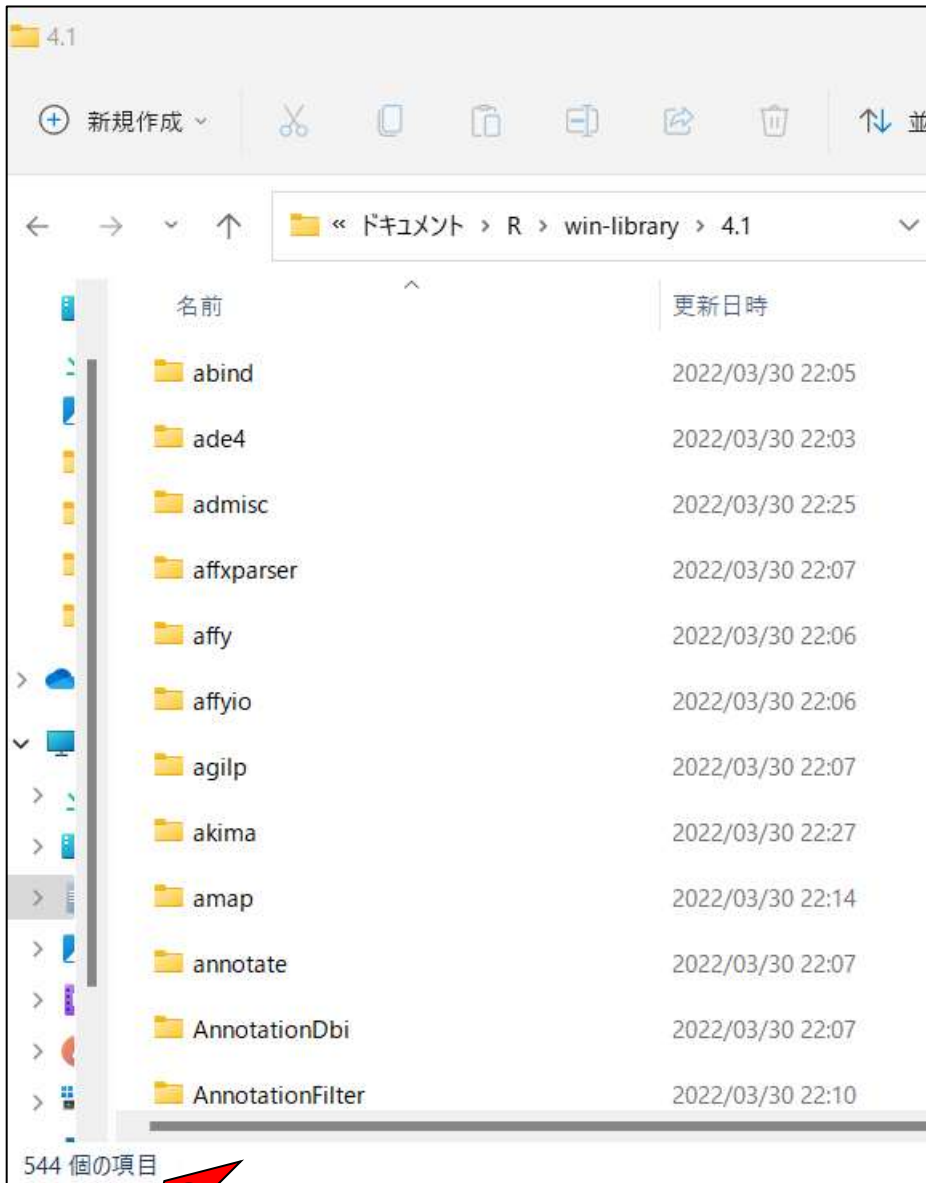
- 事前準備: 古いR情報の削除(任意)
- R本体のインストール
- PC環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- パッケージの依存関係
- インストール確認
- エラーへの対処(パッケージの個別インストール)

パッケージの依存関係1

このときは①計544個のパッケージがインストールされましたが、コピペ実行したリストにないパッケージ名のものもあります。この理由は、インストールを明示したパッケージ（例:TCC）が内部的に利用しているパッケージ（例:ROC）も同時にインストールされるからです。1つのパッケージのみで完結しているものもあれば、複数の他のパッケージを利用しているものもあります。後者の場合を、**パッケージの依存関係がある**といった表現をします。



パッケージの依存関係2



予め数多くのパッケージを一気にインストールしておくやり方はあまり一般的でないかもしれません。このようにする主な理由は、かつて大教室で100人以上の規模でノートPCを貸与してアグリバイオインフォマティクス教育研究プログラムの講義を行っていたときの名残りとして、講義中のネットワークの不調や不具合などに対応しやすくするためです(でした)。コロナ禍以降のオンライン講義でも継続している理由は、パッケージの依存関係に起因するインストールの不具合への遭遇確率をできるだけ減らすためです。依存関係のある複数パッケージを、何らかの理由で数か月後など時期がずれた状態で独立にインストールすると、初心者にとっては対応が難しい場合があるためです。



Contents

- 事前準備: 古いR情報の削除(任意)
- R本体のインストール
- PC環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- パッケージの依存関係
- インストール確認
- エラーへの対処(パッケージの個別インストール)

インストール確認1

①パッケージ群が無事インストールできているかを確認します。

(Rで)塩基配列解析

iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_minimum_plusalpha

ゲスト (2)

更新

```
no
BiocManager::install("cluster", update=F)
no
BiocManager::install("clValid", update=F)
no
BiocManager::install("corrplot", update=F)
no
```

①

3. インストール確認

以下を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。代表的なパッケージ群が正しくインストールされたかを確認しています。この実行結果(特に2回目)で何のエラーメッセージも出なければOK。もし出たら、「インストール | Rパッケージ | 個別 (2018年11月以降)」を参考にして、エラーが出たパッケージのインストールを個別に行ってください。

```
#1回目
library(ape)
library(baySeq)
library(beeswarm)
library(bio3d)
library(biomaRt)
library(Biostrings)
library(bit)
library(BSgenome)
library(BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38)
library(cclust)
library(cluster)
library(clusterStab)
library(corrplot)
library(dada2)
library(data.table)
library(DESeq2)
library(devtools)
library(dplyr)
library(DT)
library(e1071)
library(edgeR)
library(ff)
```

[トップページへ](#)

インストール確認2

①パッケージ群が無事インストールできているかを確認します。作業自体は、さきほどと同じくコピペです。ここでは(アグリバイオの講義などで)使いそうなパッケージを実際に読み込む(ロードする)作業を行っています。1回目とか2回目とか書いていますが、中身は同じです。1回目はごちゃごちゃ様々なメッセージが出ます。2回目はエラーが出て読み込めなかったパッケージのみメッセージが出ることを利用しています。

(Rで)塩基配列解析 x +
iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_minimum_plusalpha

```
no  
BiocManager::install("cluster", update=F)  
no  
BiocManager::install("clValid", update=F)  
no  
BiocManager::install("corrplot", update=F)  
no
```

①

3. インストール確認

以下を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。代表的なパッケージ群が正しくインストールされたかを確認しています。この実行結果(特に2回目)で何のエラーメッセージも出なければOK。もし出たら、「インストール | Rパッケージ | 個別 (2018年11月以降)」を参考にして、エラーが出たパッケージのインストールを個別に行ってください。

```
#1回目  
library(ape)  
library(baySeq)  
library(beeswarm)  
library(bio3d)  
library(biomaRt)  
library(Biostrings)  
library(bit)  
library(BSgenome)  
library(BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38)  
library(cclust)  
library(cluster)  
library(clusterStab)  
library(corrplot)  
library(dada2)  
library(data.table)  
library(DESeq2)  
library(devtools)  
library(dplyr)  
library(DT)  
library(e1071)  
library(edgeR)  
library(ff)
```

[トップページへ](#)

インストール確認3

(Rで)塩基配列解析

iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_minimum_plusalpha

ゲスト (2)

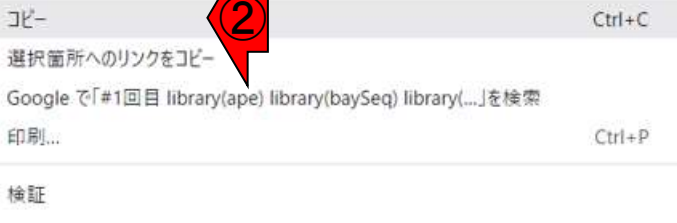
更新

```
no
BiocManager::install("cluster", update=F)
no
BiocManager::install("clValid", update=F)
no
BiocManager::install("corrplot", update=F)
no
```

3. インストール確認

以下を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。代表的なパッケージ群が正しくインストールされたかを確認しています。この実行結果(特に2回目)で何のエラーメッセージも出なければOK。もし出たら、「インストール | Rパッケージ | 個別 (2018年11月以降)」を参考にして、エラーが出たパッケージのインストールを個別に行ってください。

```
library(rmarkdown)
library(rrBLUP)
library(Rsamtools)
library(rentrez)
library(rtracklayer)
library(Rtsne)
library(scatterplot3d)
library(scopinn)
library(
library(
library(
library(
library(
library(
library(
library(
library(TCC)
library(tidyverse)
library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene)
library(umap)
library(zoo)
#####
```


[トップページ](#)

インストール確認4

赤枠内のコード全体を②コピーして、③ Console画面上で、右クリックで④ペースト。インストール完了直後の状態でも、一旦終了してRStudioを再び起動させたあとの状態でもどちらでもかまいません。

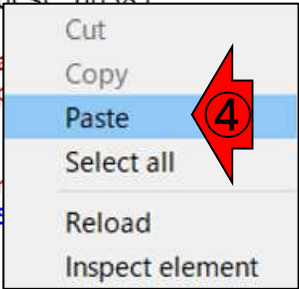
(Rで)塩基配列解析

iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_minimum_plusalpha

```
no
BiocManager::install("clust
no
BiocManager::install("clVal
no
BiocManager::install("corr
no
```

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Console Terminal Jobs
R 4.1.3 ~/\
** R
** inst
** byte-compile and prepare package for lazy loading
** help
*** installing help indices
    converting help for package 'BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38'
      finding HTML links ... done
      package                               html
** building package indices
** testing if installed package can be loaded from temporary loc
ation
** testing if installed package can be loaded from final locatio
n
** testing if installed package keeps a record of temporary inst
allation path
* DONE (BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38)

The downloaded source packa
      'C:\Users\kadota\Ap
d_packages'
> no
Error: object 'no' not four
> #BiocManager::install("BS
F)#ヒトゲノム(hg38)
> #no
> #####
> |
```



3. インストール確認

以下を「R コンソール画面」上で、この実行結果(特に2回目)で何の(2018年11月以降)」を参考にし

```
library(rmarkdown)
library(rrBLUP)
library(Rsamtools)
library(rentrez)
library(rtracklayer)
library(Rtsne)
library(scatterplot3d)
library(seqinr)
library(seqLogo)
library(shiny)
library(shinydashboard)
library(shinywidgets)
library(ShortRead)
library(som)
library(splatter)
library(SRADb)
library(TCC)
library(tidyverse)
library(TxDb.Hsapiens.UCSC.
library(umap)
library(zoo)
#####
```

Environment History Connections Tutorial

```
#devtools::install_github("edw...
#no
#devtools::install_github("edw...
#no
#reticulate::py_install("phate...
#no
#本番3(Bioconductorから提供されて...
BiocManager::install("BSgenome...
no
#BiocManager::install("BSgenom...
#no
#####
```

Files Plots Packages Help Viewer

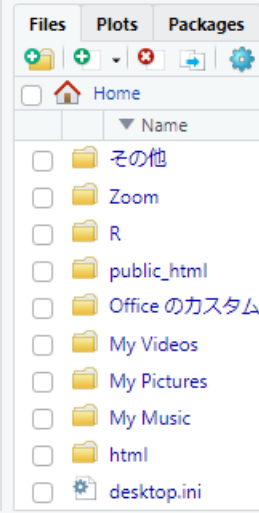
Name	Size	Modif
その他		
Zoom		
R		
public_html		
Officeのカスタム テンプレート		
My Videos		
My Pictures		
My Music		
html		
desktop.ini	402 B	Dec

インストール確認5

赤枠内のコード全体を②コピーして、③ Console画面上で、右クリックで④ペースト。インストール完了直後の状態でも、一旦終了してRStudioを再び起動させたあとの状態でもどちらでもかまいません。こんな感じになります。まだコマンドが実行されていない状態ですので、⑤リターン(Enter)キーを押して実行します。

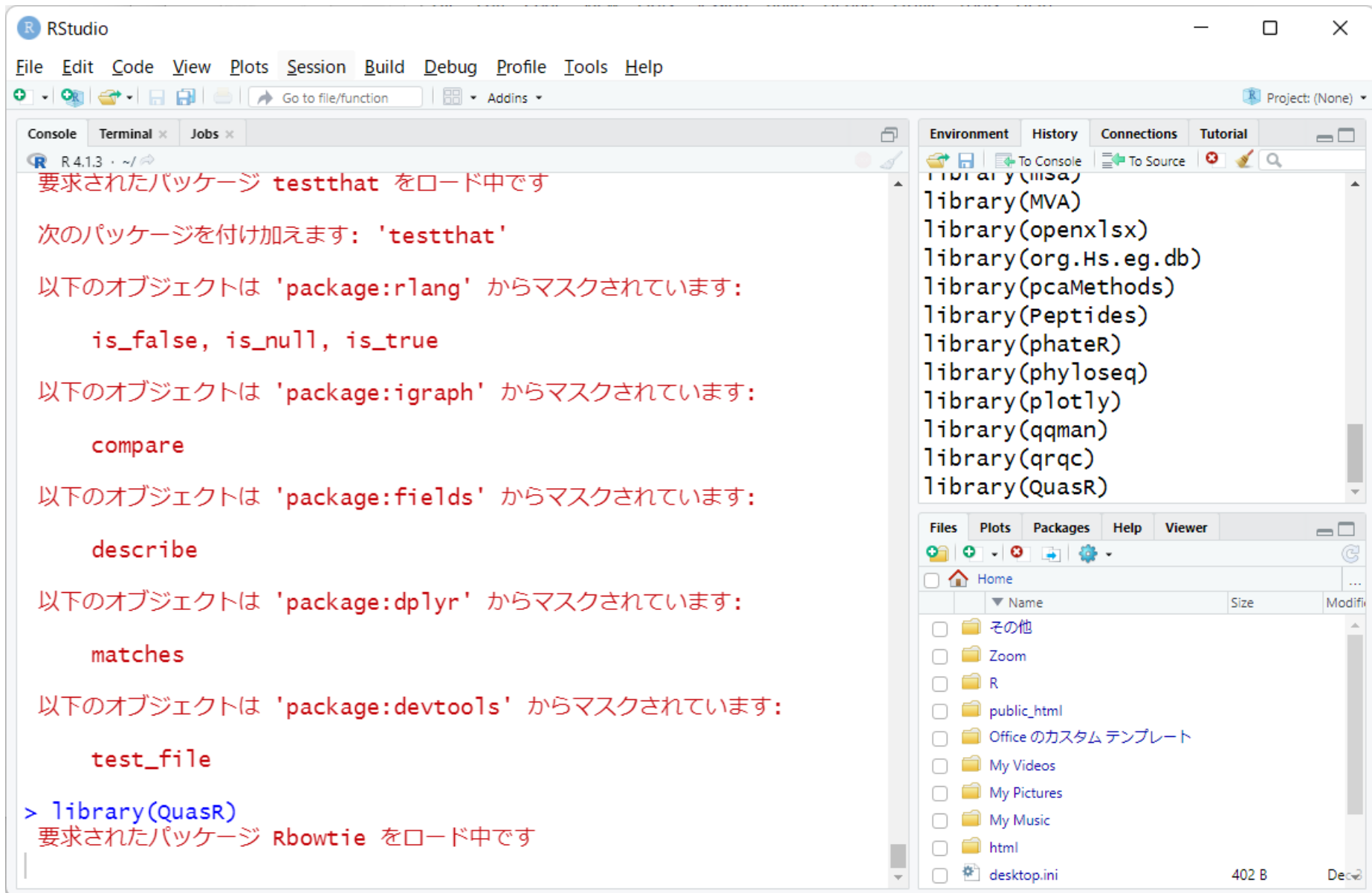
```
RStudio  
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help  
Go to file/function Addins  
Console Terminal Jobs  
R 4.1.3 ~/  
library(randomForest)  
library(RColorBrewer)  
library(RCurl)  
library(recount)  
library(rgl)  
library(rmarkdown)  
library(rrBLUP)  
library(Rsamtools)  
library(rentrez)  
library(rtracklayer)  
library(Rtsne)  
library(scatterplot3d)  
library(seqinr)  
library(seqLogo)  
library(shiny)  
library(shinydashboard)  
library(shinywidgets)  
library(ShortRead)  
library(som)  
library(splatter)  
library(SRADb)  
library(TCC)  
library(tidyverse)  
library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene)  
library(umap)  
library(zoo)  
#####
```

```
#devtools::install_github("edw...  
#no  
#reticulate::py_install("phate...  
#no  
#本番3(Bioconductorから提供されて  
BiocManager::i  
no  
#BiocManager::  
#no  
#####
```



途中経過。こんな感じで画面がどんどん遷移します。1分程度で終了します。

インストール確認6



The screenshot shows the RStudio interface. The console on the left displays the following text:

```
R 4.1.3 ~/  
要求されたパッケージ testthat をロード中です  
次のパッケージを付け加えます: 'testthat'  
以下のオブジェクトは 'package:rlang' からマスクされています:  
  is_false, is_null, is_true  
以下のオブジェクトは 'package:igraph' からマスクされています:  
  compare  
以下のオブジェクトは 'package:fields' からマスクされています:  
  describe  
以下のオブジェクトは 'package:dplyr' からマスクされています:  
  matches  
以下のオブジェクトは 'package:devtools' からマスクされています:  
  test_file  
> library(QuasR)  
要求されたパッケージ Rbowtie をロード中です
```

The Environment pane on the right lists the following loaded packages:

- library(MSA)
- library(MVA)
- library(openxlsx)
- library(org.Hs.eg.db)
- library(pcaMethods)
- library(Peptides)
- library(phater)
- library(phyloseq)
- library(plotly)
- library(qqman)
- library(qrqc)
- library(QuasR)

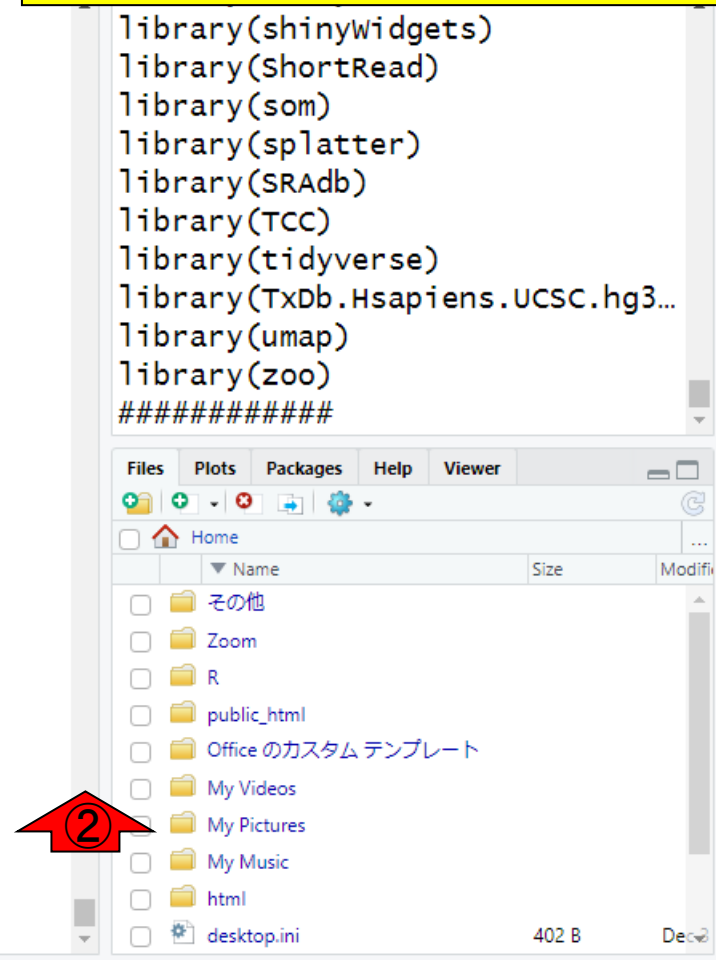
The Files pane at the bottom shows the file explorer view of the user's home directory, listing folders such as 'その他', 'Zoom', 'R', 'public_html', 'Officeのカスタム テンプレート', 'My Videos', 'My Pictures', 'My Music', 'html', and 'desktop.ini'.

インストール確認7

途中経過。こんな感じで画面がどんどん遷移します。1分程度で終了します。終了後の状態。①Console画面上に見えている範囲のパッケージ群は、エラーなくロード(読み込み)できていると解釈します。②上にスクロールさせていって、エラーメッセージが出ているものがないかを確認します。



```
RStudio  
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help  
Go to file/function Addins  
Console Terminal Jobs  
R 4.1.3 ~/  
> library(RColorBrewer)  
> library(RCurl)  
> library(recount)  
> library(rgl)  
> library(rmarkdown)  
> library(rrBLUP)  
> library(Rsamtools)  
> library(rentrez)  
> library(rtracklayer)  
> library(Rtsne)  
> library(scatterplot3d)  
> library(seqinr)  
> library(seqLogo)  
> library(shiny)  
> library(shinydashboard)  
> library(shinywidgets)  
> library(ShortRead)  
> library(som)  
> library(splatter)  
> library(SRADb)  
> library(TCC)  
> library(tidyverse)  
> library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene)  
> library(umap)  
> library(zoo)  
> #####  
>
```



```
library(shinywidgets)  
library(ShortRead)  
library(som)  
library(splatter)  
library(SRADb)  
library(TCC)  
library(tidyverse)  
library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg3...  
library(umap)  
library(zoo)  
#####  
Files Plots Packages Help Viewer  
Home  
Name Size Modifi  
その他  
Zoom  
R  
public_html  
Officeのカスタム テンプレート  
My Videos  
My Pictures  
My Music  
html  
desktop.ini 402 B Dec
```

インストール確認8

途中経過。こんな感じで画面がどんどん遷移します。1分程度で終了します。終了後の状態。①Console画面上に見えている範囲のパッケージ群は、エラーなくロード(読み込み)できていると解釈します。②上にスクロールさせていって、エラーメッセージが出ているものがないかを確認します。③「#2回目(ここの…)」というコマンドまでで、「'xxx」という名前のパッケージはありません」といったメッセージが出た場合には、「個別パッケージのインストール」で対応します。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal Jobs

R 4.1.3

```
> library(umap)
> library(zoo)
```

次のパッケージを付け加えます: 'zoo'

以下のオブジェクトは 'package:Rsamtools' からマスクされています:

```
index, index<-
```

以下のオブジェクトは 'package:base' からマスクされています:

```
as.Date, as.Date.numeric
```

```
>
> #2回目(ここの実行結果でエラーが出てなければOK)
> library(ape)
> library(baySeq)
> library(beeswarm)
> library(bio3d)
> library(biomart)
> library(Biostrings)
> library(bit)
> library(BSgenome)
> library(BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38)
> library(cclust)
> library(cluster)
> library(clusterStab)
```

③

library(tidyverse)
library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg3...
library(umap)
library(zoo)
#####

Files Plots Packages Help Viewer

Home

	Name	Size	Modifi
<input type="checkbox"/>	その他		
<input type="checkbox"/>	Zoom		
<input type="checkbox"/>	R		
<input type="checkbox"/>	public_html		
<input type="checkbox"/>	Officeのカスタム テンプレート		
<input type="checkbox"/>	My Videos		
<input type="checkbox"/>	My Pictures		
<input type="checkbox"/>	My Music		
<input type="checkbox"/>	html		
<input type="checkbox"/>	desktop.ini	402 B	Dec

②

Contents

- 事前準備: 古いR情報の削除(任意)
- R本体のインストール
- PC環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- パッケージの依存関係
- インストール確認
- エラーへの対処(パッケージの個別インストール)

エラーへの対処1

「'xxx」という名前のパッケージはありません」となった場合には、「個別パッケージのインストール」で対応しますの具体的なやり方を示します。RStudio内のエディタの使い方説明も兼ねています。このやり方で講義する先生もいらっしゃるので、エラーが出なかったヒトも一通り眺めておくとよいです。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal Jobs
R 4.1.3 ~
> library(RColorBrewer)
> library(RCurl)
> library(recount)
> library(rgl)
> library(rmarkdown)
> library(rrBLUP)
> library(Rsamtools)
> library(rentrez)
> library(rtracklayer)
> library(Rtsne)
> library(scatterplot3d)
> library(seqinr)
> library(seqLogo)
> library(shiny)
> library(shinydashboard)
> library(shinywidgets)
> library(ShortRead)
> library(som)
> library(splatter)
> library(SRADb)
> library(TCC)
> library(tidyverse)
> library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene)
> library(umap)
> library(zoo)
> #####
> |
```

```
library(shinywidgets)
library(ShortRead)
library(som)
library(splatter)
library(SRADb)
library(TCC)
library(tidyverse)
library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg3...
library(umap)
library(zoo)
#####
Files Plots Packages Help Viewer
Home
Name Size Modifi
その他
Zoom
R
public_html
Officeのカスタム テンプレート
My Videos
My Pictures
My Music
html
desktop.ini 402 B Dec
```

エラーへの対処2

このスクショは、昔存在していて今は存在しないことが既知の、①rbamtoolsというパッケージのロードを試みて、実際に②「'rbamtools' という名前のパッケージはありません」となることを示した状態です。ここでは、存在しないことが既知のrbamtoolsの個別インストールを行うやり方を解説します。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal Jobs
R 4.1.3 ~
> library(rgl)
> library(rmarkdown)
> library(rrBLUP)
> library(Rsamtools)
> library(rentrez)
> library(rtracklayer)
> library(Rtsne)
> library(scatterplot3d)
> library(seqinr)
> library(seqLogo)
> library(shiny)
> library(shinydashboard)
> library(shinywidgets)
> library(ShortRead)
> library(som)
> library(splatter)
> library(SRADb)
> library(TCC)
> library(tidyverse)
> library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene)
> library(umap)
> library(zoo)
> #####
> library(rbamtools)
Error in library(rbamtools) :
  'rbamtools' という名前のパッケージはありません
>
```

```
library(ShortRead)
library(som)
library(splatter)
library(SRADb)
library(TCC)
library(tidyverse)
library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene)
library(umap)
library(zoo)
#####
library(rbamtools)
```

Files Plots Packages Help Viewer
Home
Name Size Modifi
その他
Zoom
R
public_html
Officeのカスタム テンプレート
My Videos
My Pictures
My Music
html
desktop.ini 402 B Dec



エラーへの対処3

このスクショは、昔存在していて今は存在しないことが既知の、①rbamtoolsというパッケージのロードを試みて、実際に②「'rbamtools' という名前のパッケージはありません」となることを示した状態です。ここでは、存在しないことが既知のrbamtoolsの個別インストールを行うやり方を解説します。③をクリック。

(Rで)塩基配列解析

iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2022/03/31, since 2010)

このウェブページのR関連部分は、[インストール | についての推奨手順](#) (Windows2019.10.09版とMacintosh2021.04.01版)に従ってフリーソフトRと必要なパッケージをインストール済みであるという前提で記述しています。初心者の方は[基本的な利用法](#) (Windowsの2020.03.06版の[PPTX](#)と[PDF](#); Macintosh2019.03.12版の[PPTX](#)と[PDF](#))で自習してください。2018年7月に[\(Rで\)塩基配列解析](#)の一部(講習会・書籍・学会誌など)を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? (過去のお知らせはこちら)

- 遺伝子クラスタリングに基づく発現変動遺伝子検出法の論文(Osabe et al., *BMC Bioinformatics*, 2021)のプログラムをおいている[MBCdegのGitHubサイト](#)に中のコードに存在していたミスを修正しました(RNASeq.Data関数実行部分でNormalizerオプションに与える情報がlog2(size.factors)だったのをlog(size.factors)に変更)。(2022/01/22)

- [はじめに](#) (last modified 2022/03/28) **NEW**
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2022/03/28) **NEW**
- [インストール | について](#) (last modified 2021/04/02)
- インストール | R本体とRStudio | 最新版 | [Win用](#) (last modified 2022/03/28) 推奨 **NEW**
- インストール | R本体とRStudio | 最新版 | [Mac用](#) (last modified 2022/03/28) 推奨 **NEW**
- インストール | R本体 | 過去版 | [Win用](#) (last modified 2015/03/22)
- インストール | R本体 | 過去版 | [Mac用](#) (last modified 2015/03/22)
- [インストール | Rパッケージ | について](#) (last modified 2018/11/13)
- インストール | Rパッケージ | [必要最小限プラスアルファ](#) **③** (last modified 2022/03/30) 推奨 **NEW**
- インストール | Rパッケージ | [個別\(2018年11月以降\)](#) (last modified 2022/03/31) **NEW**

[トップページへ](#)

エラーへの対処4

(Rで)塩基配列解析

x +

iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_individual

インストール | Rパッケージ | 個別(2018年11月以降) **NEW**

文字通り、Rのパッケージを個別にインストールするやり方を示します。このウェブページでは、パッケージを数多く利用しています。2018年10月31日リリースのBioconductor 3.8より、[こちら](#)にご注意ください。具体的には、**biocLite**から、**BiocManager::install**を利用するやり方。「BiocManager::install」は「**BiocManager**というパッケージ中にあるinstall関数」という意味を持つパッケージでも提供されている可能性があるため、「どのパッケージが提供するinstall関数か」を

4

1. ゼブラフィッシュゲノムのパッケージ(**BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7**)をインストール

400MB程度あります...

```
param <- "BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7" #パッケージ名を指定

#本番
BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール

#後処理(ウェブサイト上で見えているバージョンとの比較)
BiocManager::valid(param) #TRUEはOK、too newでもまあOK、out-of-dateなら注意
packageVersion(param) #バージョン情報を表示
```

2. **TxDb.Rnorvegicus.UCSC.rn5.refGene**パッケージのインストールをしたい場合 :

```
param <- "TxDb.Rnorvegicus.UCSC.rn5.refGene" #パッケージ名を指定

#本番
BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール

#後処理(ウェブサイト上で見えているバージョンとの比較)
BiocManager::valid(param) #TRUEはOK、too newでもまあOK、out-of-dateなら注意
packageVersion(param) #バージョン情報を表示
```

[トップページへ](#)

3. **TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene**パッケージのインストールをしたい場合 :

このスクショは、昔存在していて今は存在しないことが既知の、①rbamtoolsというパッケージのロードを試みて、実際に②「'rbamtools'という名前のパッケージはありません」となることを示した状態です。ここでは、存在しないことが既知のrbamtoolsの個別インストールを行うやり方を解説します。③をクリック。④で見えている例題はBsgenome.Drerio.UCSC.danFer7というパッケージをインストールしたい場合のコードです。この例題コードをテンプレートとして、パッケージ名部分のみ変更して利用するやり方を示します。

RStudio内のエディタを起動すべく、RStudioの、①File、②New File、③R Script。

エラーへの対処5

The screenshot shows the RStudio interface with the following elements:

- File Menu:** Opened, with "New File" selected (indicated by a red arrow ②).
- New File Sub-menu:** Opened, with "R Script" selected (indicated by a red arrow ③).
- Console:** Shows the following commands and error message:

```
> library(zoo)
> #####
> library(rbamtools)
Error in library(rbamtools) :
  'rbamtools' という名前のパッケージはありません
> |
```
- Environment Pane:** Lists installed packages: library(SmittyWidgets), library(ShortRead), library(som), library(splatter), library(SRadb), library(TCC), library(tidyverse), library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg3...), library(umap), library(zoo), library(rbamtools).
- Files Pane:** Shows a file explorer view with folders like "その他", "Zoom", "R", "public_html", "Officeのカスタム テンプレート", "My Videos", "My Pictures", "My Music", "html", and "desktop.ini".

エラーへの対処6

RStudio内のエディタを起動すべく、RStudioの、①File、②New File、③R Script。こんな感じになります。

The screenshot shows the RStudio interface. The console at the bottom left displays the following commands:

```
> library(rgl)
> library(rmarkdown)
> library(rrBLUP)
> library(Rsamtools)
> library(rentrez)
> library(rtracklayer)
> library(Rtsne)
> library(scatterplot3d)
> library(seqinr)
> library(seqLogo)
> library(shiny)
> library(shinydashboard)
> library(shinywidgets)
> library(ShortRead)
> library(som)
> library(splatter)
> library(SRadb)
```

The Environment pane on the right shows the following loaded packages:

```
library(SmittyWidgets)
library(ShortRead)
library(som)
library(splatter)
library(SRadb)
library(TCC)
library(tidyverse)
library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg3...)
library(umap)
library(zoo)
#####
library(rbamtools)
```

The Files pane at the bottom right shows the file explorer with the following files and folders:

Name	Size	Modified
その他		
Zoom		
R		
public_html		
Officeのカスタム テンプレート		
My Videos		
My Pictures		
My Music		
html		
desktop.ini	402 B	Dec 20

エラーへの対処7

RStudio内のエディタを起動すべく、RStudioの、①File、②New File、③R Script。こんな感じになります。④赤枠部分にエディターが起動しているので、この中にさきほどの例題コードをコピーします。

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. Below the menu is a toolbar with icons for file operations and a search bar. The main editor window is titled 'Untitled1' and contains a single line of code: '1'. A red arrow with the number '4' points to the editor window. The console window at the bottom shows the following R commands and their output:

```
> library(rgl)
> library(rmarkdown)
> library(rrBLUP)
> library(Rsamtools)
> library(rentrez)
> library(rtracklayer)
> library(Rtsne)
> library(scatterplot3d)
> library(seqinr)
> library(seqLogo)
> library(shiny)
> library(shinydashboard)
> library(shinywidgets)
> library(ShortRead)
> library(som)
> library(splatter)
> library(SRADb)
```

The right-hand side of the interface shows the Environment pane with a list of loaded packages: library(SmittyWidgets), library(ShortRead), library(som), library(splatter), library(SRADb), library(TCC), library(tidyverse), library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg3...), library(umap), library(zoo), #####, and library(rbamtools). Below the Environment pane is a file browser showing the contents of the Home directory, including folders like 'その他', 'Zoom', 'R', 'public_html', 'Officeのカスタム テンプレート', 'My Videos', 'My Pictures', 'My Music', 'html', and 'desktop.ini'.

エラーへの対処8

RStudio内のエディタを起動すべく、RStudioの、①File、②New File、③R Script。こんな感じになります。④赤枠部分にエディタが起動しているので、この中にさきほどの例題コードをコピペします。⑤赤枠内をコピー。

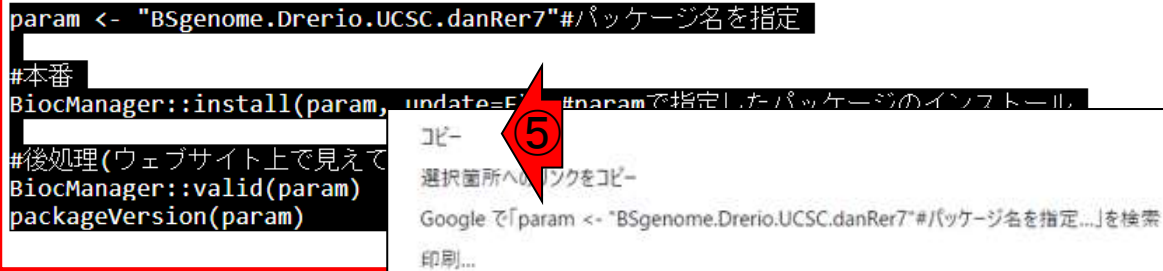
インストール | Rパッケージ | 個別(2018年11月以降) **NEW**

文字通り、Rのパッケージを個別にインストールするやり方を示します。このウェブページでは、[Bioconductor](#)から提供されているパッケージを数多く利用しています。2018年10月31日リリースの[Bioconductor 3.8](#)より、インストール方法が変更されましたのでご注意ください。具体的には、[biocLite](#)から、[BiocManager::install](#)を利用するやり方に変更されました。「[BiocManager::install](#)」は「[BiocManager](#)というパッケージ中にあるinstall関数」という意味です。intallという関数は他のパッケージでも提供されている可能性があるため、「どのパッケージが提供するinstall関数か」を明示したい場合に玄人がよく利用します。

1. ゼブラフィッシュゲノムのパッケージ([BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7](#))をインストールしたい場合:

400MB程度あります...

```
param <- "BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7"#パッケージ名を指定
#本番
BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
#後処理(ウェブサイト上で見えて
BiocManager::valid(param)
packageVersion(param)
```



2. [TxDb.Rnorvegicus.UCSC.rn5.refGene](#)

```
param <- "TxDb.Rnorvegicus.UCSC.rn5.refGene"#パッケージ名を指定
#本番
BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
#後処理(ウェブサイト上で見えているバージョンとの比較)
BiocManager::valid(param) #TRUEはOK、too newでもまあOK、out-of-dateなら注意
packageVersion(param) #バージョン情報を表示
```

[トップページへ](#)

3. [TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene](#)パッケージのインストールをしたい場合:

エラーへの対処9

RStudio内のエディタを起動すべく、RStudioの、①File、②New File、③R Script。こんな感じになります。④赤枠部分にエディタが起動しているので、この中にさきほどの例題コードをコピーします。⑤赤枠内をコピー。赤枠内で、⑥ペースト。

The screenshot shows the RStudio interface. A context menu is open over the source editor, with the 'Paste' option highlighted in blue. A red arrow with the number '6' points to the 'Paste' option. The console window at the bottom left shows the following commands:

```
> library(rgl)
> library(rmarkdown)
> library(rrBLUP)
> library(Rsamtools)
> library(rentrez)
> library(rtracklayer)
> library(Rtsne)
> library(scatterplot3d)
> library(seqinr)
> library(seqLogo)
> library(shiny)
> library(shinydashboard)
> library(shinywidgets)
> library(ShortRead)
> library(som)
> library(splatter)
> library(SRADb)
```

The right-hand pane shows the installed packages list, including:

- library(shinywidgets)
- library(ShortRead)
- library(som)
- library(splatter)
- library(SRADb)
- library(TCC)
- library(tidyverse)
- library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg3...)
- library(umap)
- library(zoo)
- #####
- library(rbamtools)

エラーへの対処10

RStudio内のエディタを起動すべく、RStudioの、①File、②New File、③R Script。こんな感じになります。④赤枠部分にエディタが起動しているので、この中にさきほどの例題コードをコピーします。⑤赤枠内をコピー。赤枠内で、⑥ペースト。こんな感じになります。

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. The main editor window displays an R script with the following code:

```
1 param <- "BSgenome.Dmmer10.UCSC.danker" #ハックで指定  
2  
3 #本番  
4 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケ  
5  
6 #後処理(ウェブサイト上で見えているバージョンとの比較)  
7 BiocManager::valid(param) #TRUEはOK、too newでも  
8
```

The console window shows the following commands and output:

```
> library(rgl)  
> library(rmarkdown)  
> library(rrBLUP)  
> library(Rsamtools)  
> library(rentrez)  
> library(rtracklayer)  
> library(Rtsne)  
> library(scatterplot3d)  
> library(seqinr)  
> library(seqLogo)  
> library(shiny)  
> library(shinydashboard)  
> library(shinywidgets)  
> library(ShortRead)  
> library(som)  
> library(splatter)  
> library(SRADb)
```

The file browser window shows the following files and folders:

Name	Size	Modifi
その他		
Zoom		
R		
public_html		
Officeのカスタム テンプレート		
My Videos		
My Pictures		
My Music		
html		
desktop.ini	402 B	Dec

エラーへの対処11

赤線のあたりを上下させたり、青線のあたりを左右に動かすことで、それぞれの画面の幅を調節することができます。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Script Editor:** Contains R code for installing and validating a Bioconductor package. The code is:


```

      1 param <- BSgenome.Dmmer10.UCSC.daniker7 #ハックブーン右で指定
      2
      3 #本番
      4 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケ
      5
      6 #後処理(ウェブサイト上で見えているバージョンとの比較)
      7 BiocManager::valid(param) #TRUEはOK、too newでも
      8
      
```
- Console:** Shows the output of the R script, listing installed libraries:


```

      > library(rgl)
      > library(rmarkdown)
      > library(rrBLUP)
      > library(Rsamtools)
      > library(rentrez)
      > library(rtracklayer)
      > library(Rtsne)
      > library(scatterplot3d)
      > library(seqinr)
      > library(seqLogo)
      > library(shiny)
      > library(shinydashboard)
      > library(shinywidgets)
      > library(ShortRead)
      > library(som)
      > library(splatter)
      > library(SRADb)
      
```
- Environment Pane:** Lists the loaded libraries:


```

      library(shinywidgets)
      library(ShortRead)
      library(som)
      library(splatter)
      library(SRADb)
      library(TCC)
      library(tidyverse)
      library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg3...
      library(umap)
      library(zoo)
      #####
      library(rbamtools)
      
```
- Files Pane:** Shows the file explorer with a list of folders and files, including 'その他', 'Zoom', 'R', 'public_html', 'Officeのカスタム テンプレート', 'My Videos', 'My Pictures', 'My Music', 'html', and 'desktop.ini'.

A red horizontal line is drawn across the script editor and console area, and a blue vertical line is drawn in the environment pane, demonstrating how to adjust window widths.

エラーへの対処12

赤線のあたりを上下させたり、青線のあたりを左右に動かすことで、それぞれの画面の幅を調節することができます。例えばこんな感じに動かせます。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Script Editor:** Contains R code for installing and validating a package.


```

1 param <- "BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7"#パッケージ名を指定
2
3 #本番
4 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
5
6 #後処理(ウェブサイト上で見えているバージョンとの比較)
7 BiocManager::valid(param) #TRUEはOK、too newでもまあOK、could not find packageはエラー
8 packageVersion(param) #バージョン情報を表示
      
```
- Console:** Shows the execution of library loading commands.


```

> library(rgl)
> library(rmarkdown)
> library(rrBLUP)
> library(Rsamtools)
> library(rentrez)
> library(rtracklayer)
> library(Rtsne)
> library(scatterplot3d)
> library(seqinr)
> library(seqLogo)
> library(shiny)
> library(shinydashboard)
> library(shinywidgets)
> library(ShortRead)
> library(som)
      
```
- Environment Pane:** Lists loaded libraries.
 - library(shinywidgets)
 - library(ShortRead)
 - library(som)
 - library(splatter)
 - library(SRADb)
 - library(TCC)
 - library(tidyverse)

このテンプレートスクリプトは、①のパッケージをインストールするものなので…

エラーへの対処13

The screenshot shows the RStudio interface with an R script editor and a console. The script defines a function to install a package and check its version. A red arrow with the number 1 points to the package name in the script. The console shows the execution of the script, including the loading of various libraries.

```
1 param <- "BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7" #パッケージ名を指定
2
3 #本番
4 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのイ
5
6 #後処理(ウェブサイト上で見えているバージョンとの比較)
7 BiocManager::valid(param) #TRUEはOK、too newでもまあOK、c
8 packageVersion(param) #バージョン情報を表示
```

```
> library(rgl)
> library(rmarkdown)
> library(rrBLUP)
> library(Rsamtools)
> library(rentrez)
> library(rtracklayer)
> library(Rtsne)
> library(scatterplot3d)
> library(seqinr)
> library(seqLogo)
> library(shiny)
> library(shinydashboard)
> library(shinywidgets)
> library(ShortRead)
> library(som)
```

エラーへの対処14

このテンプレートスクリプトは、①のパッケージをインストールするものなので、エラーが出るのがわかっている**rbamtools**にする場合は、②こんな風にすればよいです。

The screenshot shows the RStudio interface with an R script editor and a console window. The script in the editor contains the following code:

```
1 param <- "rbamtools"#パッケージ名を指定
2
3 #本番
4 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのイ
5
6 #後処理(ウェブサイト上で見えているバージョンとの比較)
7 BiocManager::valid(param) #TRUEはOK、too newでもまあOK、c
8 packageVersion(param) #バージョン情報を表示
```

A red arrow with the number 2 points to the package name "rbamtools" in line 1. The console window shows the following output:

```
R 4.1.3 ~ /
> library(rgl)
> library(rmarkdown)
> library(rrBLUP)
> library(Rsamtools)
> library(rentrez)
> library(rtracklayer)
> library(Rtsne)
> library(scatterplot3d)
> library(seqinr)
> library(seqLogo)
> library(shiny)
> library(shinydashboard)
> library(shinywidgets)
> library(ShortRead)
> library(som)
```

The Environment pane on the right shows the loaded libraries: shinywidgets, ShortRead, som, splatter, SRadb, TCC, and tidyverse. The Files pane shows the file explorer with folders like Home, Zoom, R, public_html, Office のカスタム テンプレート, My Videos, My Pictures, My Music, html, desktop.ini, 2022, 2021, and 2020.

エラーへの対処15

このテンプレートスクリプトは、①のパッケージをインストールするものなので、エラーが出るのがわかっているrbamtoolsにする場合は、②こんな風にすればよいです。③今は6-8行目のコマンドは無視してよいので、④1-4行目のみ実行させます。

RStudio interface showing an R script and its console output.

The script content is as follows:

```
1 param <- "rbamtools"#パッケージ名を指定
2
3 #本番
4 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのイ
5
6 #後処理(ウェブサイト上で見えているバージョンとの比較)
7 BiocManager::valid(param) #TRUEはOK、too...でもまあOK、c
8 packageVersion(param) #バージョン情報を表示
```

The console output shows the following commands being executed:

```
> library(rgl)
> library(rmarkdown)
> library(rrBLUP)
> library(Rsamtools)
> library(rentrez)
> library(rtracklayer)
> library(Rtsne)
> library(scatterplot3d)
> library(seqinr)
> library(seqLogo)
> library(shiny)
> library(shinydashboard)
> library(shinywidgets)
> library(ShortRead)
> library(som)
```

エラーへの対処16

このテンプレートスクリプトは、①のパッケージをインストールするものなので、エラーが出るのがわかっているrbamtoolsにする場合は、②こんな風にすればよいです。③今は6-8行目のコマンドは無視してよいので、④1-4行目のみ実行させます。④を反転させて、⑤Runボタンを押すと…

The screenshot shows the RStudio interface. The script editor contains the following R code:

```
1 param <- "rbamtools"#パッケージ名を指定
2
3 #本番
4 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのイ
5
6 #後処理(ウェブサイト上で見えているバージョンとの比較)
7 BiocManager::valid(param) #TRUEはOK、too newでもまあOK、c
8 packageVersion(param) #バージョン情報を表示
```

Red arrows indicate the following actions:

- ④: A bracket highlights lines 1-4, indicating they should be executed.
- ⑤: A red arrow points to the Run button in the toolbar.

The console window shows the output of the following commands:

```
> library(rgl)
> library(rmarkdown)
> library(rrBLUP)
> library(Rsamtools)
> library(rentrez)
> library(rtracklayer)
> library(Rtsne)
> library(scatterplot3d)
> library(seqinr)
> library(seqLogo)
> library(shiny)
> library(shinydashboard)
> library(shinywidgets)
> library(ShortRead)
> library(som)
```

The right-hand pane shows the file explorer with the following contents:

Name	Size
その他	
Zoom	
R	
public_html	
Officeのカスタム テンプレート	
My Videos	
My Pictures	
My Music	
html	
desktop.ini	402 B
2022	
2021	
2020	

エラーへの対処17

このテンプレートスクリプトは、①のパッケージをインストールするものなので、エラーが出るのがわかっているrbamtoolsにする場合は、②こんな風にすればよいです。③今は6-8行目のコマンドは無視してよいので、④1-4行目のみ実行させます。④を反転させて、⑤Runボタンを押すと、⑥Console画面の赤枠部分が実行されます。つまり、RStudioのエディタを使えば、④と⑤のみでスクリプトのコピペ実行に相当する作業ができるということです。

The screenshot shows the RStudio interface. The script in the editor is as follows:

```
1 param <- "rbamtools"#パッケージ名を指定
2
3 #本番
4 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
5
```

The console output is as follows:

```
'rbamtools' という名前のパッケージはありません
> param <- "rbamtools"#パッケージ名を指定
>
> #本番
> BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
'getOption("repos")' replaces Bioconductor standard repositories,
see '?repositories' for details

replacement repositories:
  CRAN: https://cran.rstudio.com/

Bioconductor version 3.14 (BiocManager 1.30.16), R 4.1.3
(2022-03-10)
Installing package(s) 'rbamtools'
Warning message:
In .inet_warning(msg) :
  package 'rbamtools' is not available for Bioconductor version '3.14'
```

Red arrows and a red box highlight the following elements:

- ⑤: Run button in the editor toolbar.
- ④: The script code in the editor.
- ⑥: The console output, specifically the error message and the warning message.

エラーへの対処18

このテンプレートスクリプトは、①のパッケージをインストールするものなので、エラーが出るのがわかっているrbamtoolsにする場合は、②こんな風にすればよいです。③今は6-8行目のコマンドは無視してよいので、④1-4行目のみ実行させます。④を反転させて、⑤Runボタンを押すと、⑥Console画面の赤枠部分が実行されます。つまり、RStudioのエディタを使えば、④と⑤のみでスクリプトのコピペ実行に相当する作業ができるということです。⑦「rbamtoolsはBioconductor ver. 3.14では利用できない」と書かれていることがわかります。細かいことはすっ飛ばしますが、要するに(この資料作成時の最新版である)⑧R ver. 4.1.3の環境では、rbamtoolsはインストールできないということです。

The screenshot shows the RStudio interface. The script editor contains the following code:

```
1 param <- "rbamtools"#パッケージ名を指定
2
3 #本番
4 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定した人
5
```

The console output shows the following error message:

```
see '?repositories' for details
replacement repositories:
  CRAN: https://cran.rstudio.com/

Bioconductor version 3.14 (BiocManager 1.30.16), R 4.1.3
(2022-03-10)
Installing package(s) 'rbamtools'
Warning message:
In .inet_warning(msg) :
  package 'rbamtools' is not available for Bioconductor version '3.14'

A version of this package for your version of R might be available elsewhere,
see the ideas at
https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html#Installing
-packages
> |
```

Annotations in the image:

- ①: Points to the package name "rbamtools" in the script.
- ②: Points to the script content.
- ③: Points to the console output.
- ④: Points to the script lines 1-4.
- ⑤: Points to the Run button.
- ⑥: Points to the console output.
- ⑦: Points to the warning message in the console.
- ⑧: Points to the Bioconductor version information in the console.

The screenshot shows a file explorer window with the following folders:

- Office のカスタム テンプレート
- My Videos
- My Pictures
- My Music
- html
- desktop.ini
- 2022
- 2021
- 2020

⑨rbamtoolsのロードに正しく失敗していることがわかります。

エラーへの対処19

RStudio interface showing the console output of an R script. The script defines a parameter and attempts to install the 'rbamtools' package using BiocManager. The console output shows the CRAN URL, Bioconductor version, and the installation attempt. A warning message indicates that the package is not available for the current Bioconductor version. A red arrow points to the warning message (7), and another red arrow points to the URL provided in the warning (9). The Environment pane on the right shows the loaded libraries: library(smoothwidgets), library(ShortRead), library(som), library(splatter), library(SRADb), library(TCC), and library(tidyverse).

```
1 param <- "rbamtools"#パッケージ名を指定
2
3 #本番
4 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのイ
5
6
```

Console output:

```
CRAN: https://cran.rstudio.com/
Bioconductor version 3.14 (BiocManager 1.30.16), R 4.1.3
(2022-03-10)
Installing package(s) 'rbamtools'
Warning message:
In .inet_warning(msg) :
  package 'rbamtools' is not available for Bioconductor version '3.14'

A version of this package for your version of R might be available elsewhere,
see the ideas at
https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html#Installing
-packages
> library(rbamtools)
Error in library(rbamtools) :
  'rbamtools' という名前のパッケージはありません
> |
```

エラーへの対処20

今の私の環境では、①のパッケージはインストールされていません。②が証拠。それゆえ、③のコードを実行すると①のパッケージが正しくインストールされるはずですが。

(Rで)塩基配列解析

x +

iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_individual

ゲスト (2)

更新

インストール | Rパッケージ | 個別(2018年11月以降) NEW

文字通り、Rのパッケージを個別にインストールするやり方を示します。このウェブページでは、[Bioconductor](#)から提供されているパッケージを数多く利用しています。2018年10月31日リリースの[Bioconductor 3.8](#)より、インストール方法が変更されたのでご注意ください。具体的には、[biocLite](#)から、[BiocManager::install](#)を利用するやり方に変更されました。

「[BiocManager::install](#)」は「[BiocManager](#)というパッケージ中にあるinstall関数」という意味です。installという関数は他のパッケージでも提供されている可能性があるため、「どのパッケージが提供するinstall関数か」を明示したい場合に玄人がよく利用

1. ゼブラフィッシュゲノムのパッケージ([BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7](#))をインストールしたい場合:

400MB程度あります...

```
param <- "BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7" #①パッケージ名を指定
#本番
BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッ
#後処理(ウェブサイト上で見えているバージョンとの比較)
BiocManager::valid(param) #TRUEはOK、too newで
packageVersion(param) #バージョン情報を表示
```

2. [TxDb.Rnorvegicus.UCSC.rn5.refGene](#)パッケージのインストール

```
param <- "TxDb.Rnorvegicus.UCSC.rn5.refGene" #パッケージ名を
#本番
BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッ
#後処理(ウェブサイト上で見えているバージョンとの比較)
BiocManager::valid(param) #TRUEはOK、too newで
packageVersion(param) #バージョン情報を表示
```

3. [TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene](#)パッケージのインストールをしたい場合:

名前	更新日時	種類
broom	2022/03/30 22:05	ファイル フォルダ
BSgenome	2022/03/30 22:09	ファイル フォルダ
BSgenome.Celegans.UCSC.ce2	2022/03/30 22:32	ファイル フォルダ
BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38	2022/03/30 22:39	ファイル フォルダ
bslib	2022/03/30 22:01	ファイル フォルダ