

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

R本体と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プログラム
門田幸二(かどた こうじ)
kadota@iu.a.u-tokyo.ac.jp
<http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/>

R本体のインストール

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

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2018/03/08, 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](#) ([Windows2015.04.04版](#)と[Macintosh2015.04.03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](#) ([Windows2015.04.03版](#)と[Macintosh2015.04.03版](#))で自習してください。本ウェブページを体系的にまとめた[書籍](#)もあります。(2015/04/03)

What's new?

- [アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム](#)では、平成30年度もバイオインフォ関連講義を行います。例年東大以外の企業の方、研究員、大学院生が2-3割程度受講しております。受講ガイダンスは、平成30年4月4日17:15より東大農学部2号館2階化学第一講義室で開催します。(2018/03/08) **NEW**
- Silhouetteスコアの新たな使い道提唱論文([Zhao et al., Biol. Proc. Online, 2018](#))の使い方を「解析 | 一般 | [Silhouette scores \(シルエットスコア\)](#)」に示しました。(2018/03/01) **NEW**
- Silhouetteスコアの新たな使い道提唱論文([Zhao et al., Biol. Proc. Online, 2018](#))がpublishされました。(2018/03/01) **NEW**
- 「平成29年度[NGSハンズオン講習会](#)」の[動画](#)が公開されています。(2018/03/01) **NEW**

- [門田からメール返信をもらえない場合は](#) (last modified 2016/08/23)
- [はじめに](#) (last modified 2015/03/31)
- 参考資料 | [書籍、学会誌](#) (last modified 2017/11/13)
- 参考資料 | [講習会、講義、講演資料](#) (last modified 2017/09/07)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/03/01) **NEW**
- [インストール | について](#) (last modified 2018/03/08) **NEW**
- インストール | R本体 | 最新版 | [Win用](#) (last modified 2015/03/22) 推奨
- インストール | R本体 | 最新版 | [Mac用](#) (last modified 2015/04/22) 推奨
- 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 | [ほぼ全て\(20GB以上?\)](#) (last modified 2015/05/25) [トップページへ](#)
- インストール | Rパッケージ | [必要最小限プラスアルファ\(数GB?\)](#) (last modified 2017/03/13) 推奨

R本体のインストール

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_R_release_w 検索...

(Rで)塩基配列解析

インストール | R本体 | 最新版 | Win用

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 i386 3.X.Y(32 bitの場合; XやYの数値はバージョンによって異なります)」または「R x64 3.X.Y(64 bitの場合)」アイコンが作成されます。私は「R i386 3.X.Y」のアイコンは使わないので、いつもゴミ箱に捨てています。「R x64 3.X.Y」アイコンのほうのみ利用しています。尚、エンドユーザーには**①** 実質的に無縁のものだと思いますが開発版([devel版](#))というのがあります。

1. [Rのインストーラ](#)を「実行」
2. 聞かれるがままに「次へ」などを押してとにかく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。

インストール | R本体 | 最新版 | Mac用

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。Win同様、エンドユーザーには**②** 実質的に無縁のものだと思いますがMacにも開発版([devel版](#))というのがあります。R-3.1.3までは、R-3.1.3-marvericks.pkgやR-3.1.3-snowleopard.pkgといった記述になっていましたが、R-3.2.0以降は太字部分が消えています。

1. <http://cran.r-project.org/bin/macosx/>の「R-3.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、聞かれるがままに「次へ」などを押してとにかく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。

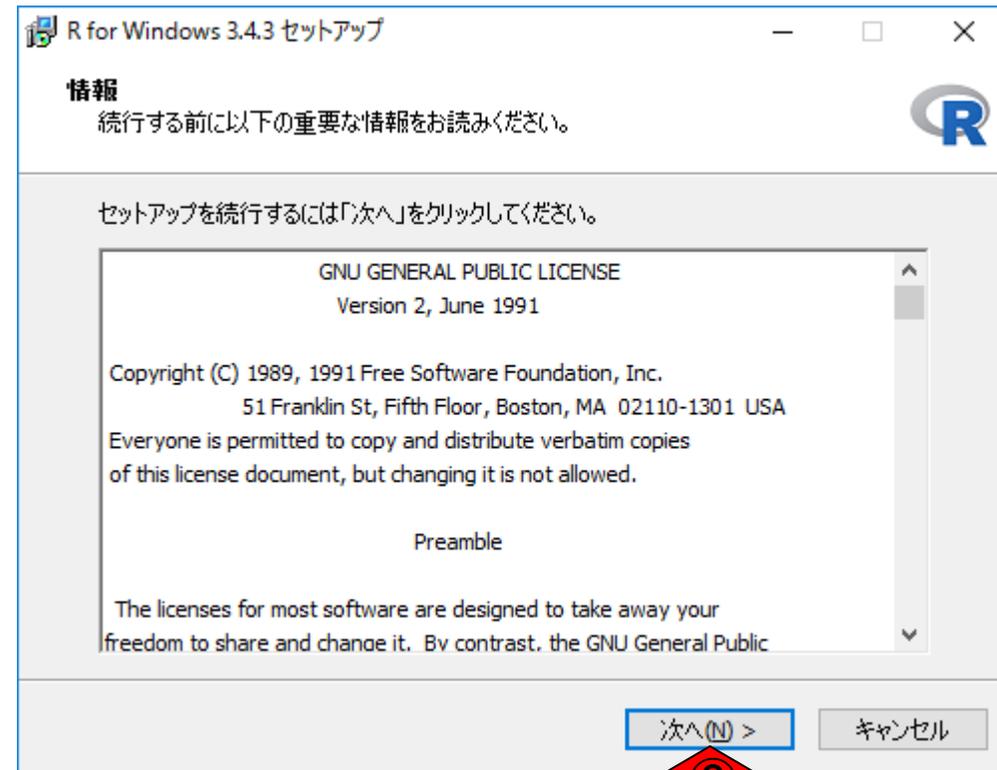
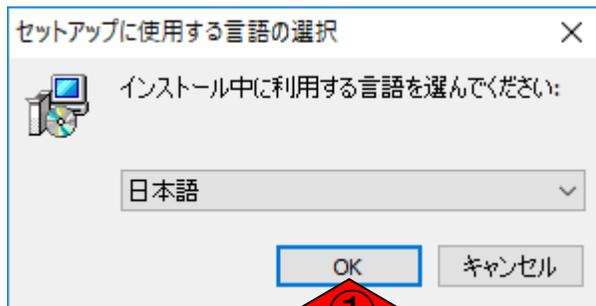
cran.r-project.org から R-3.4.3-win.exe (78.5 MB) を実行または保存しますか?

実行(R) 保存(S) ▼ キャンセル(C)

トップページへ

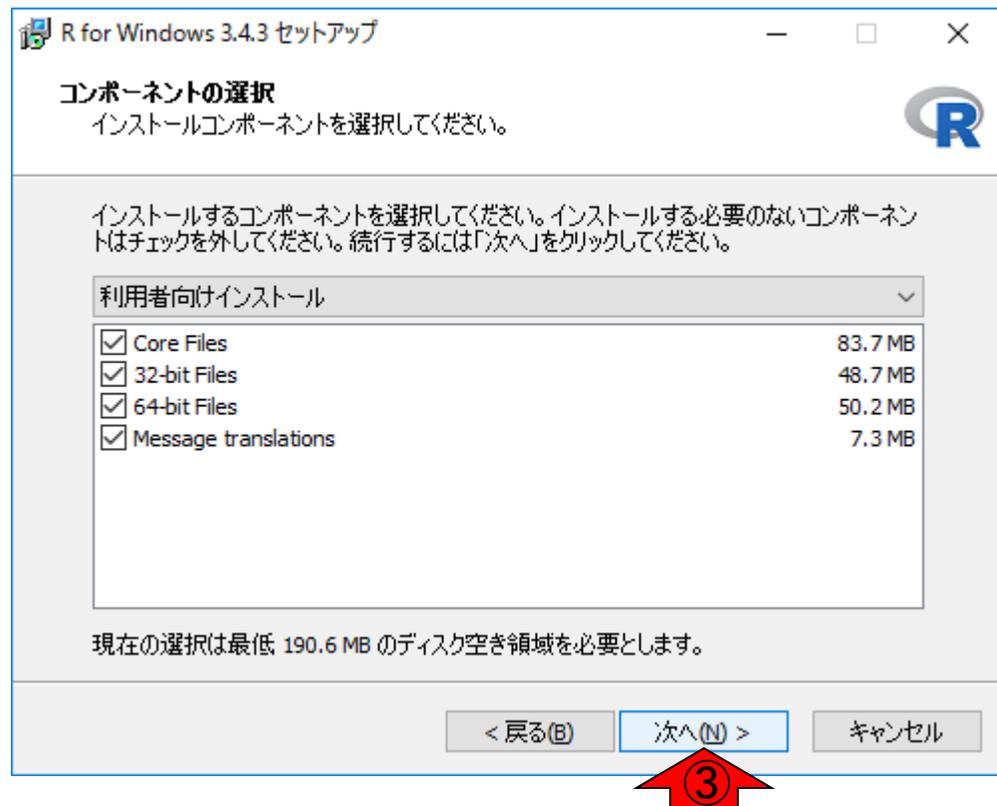
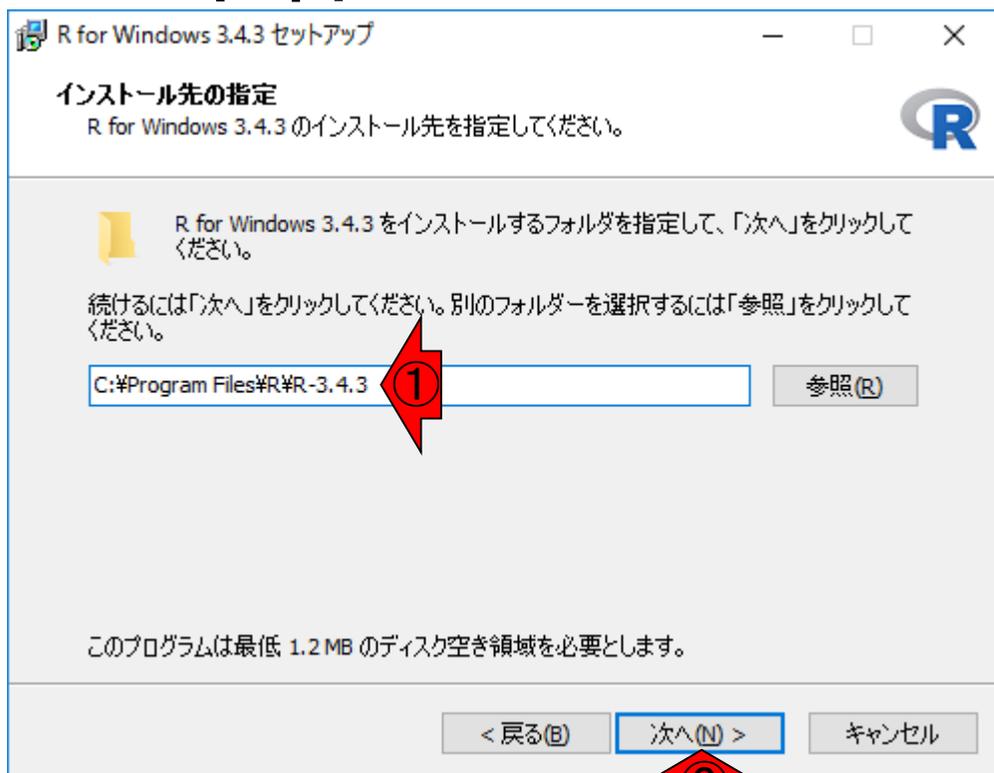
インストール | R本体 | 過去版 | Win用

R本体のインストール

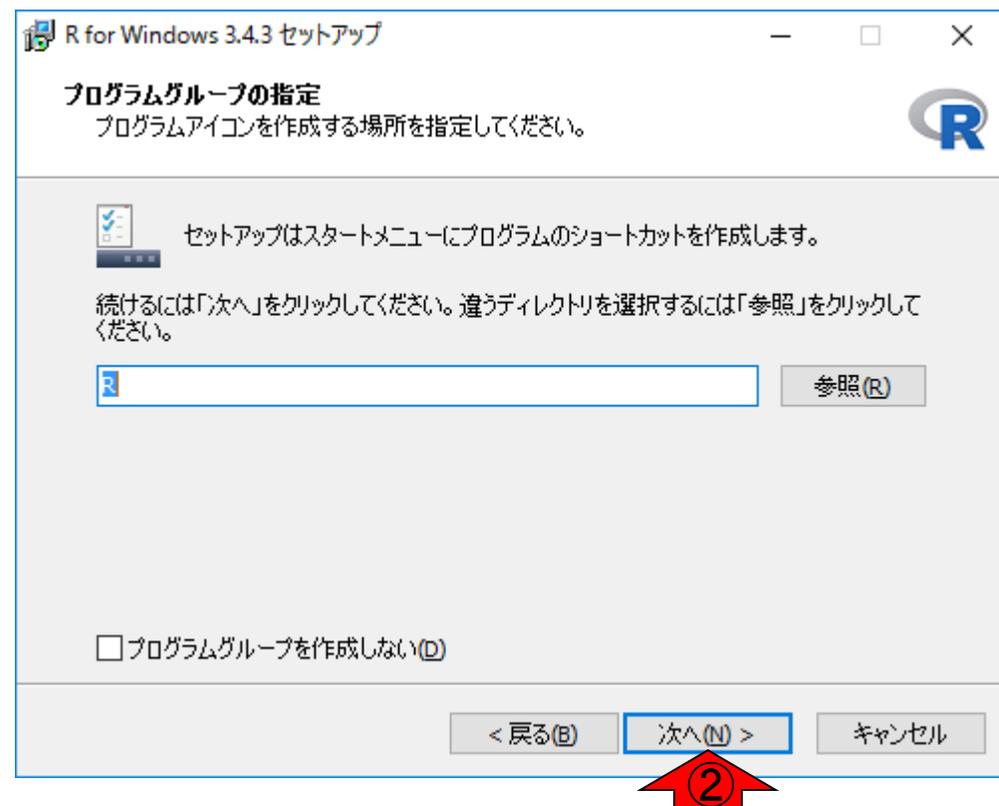
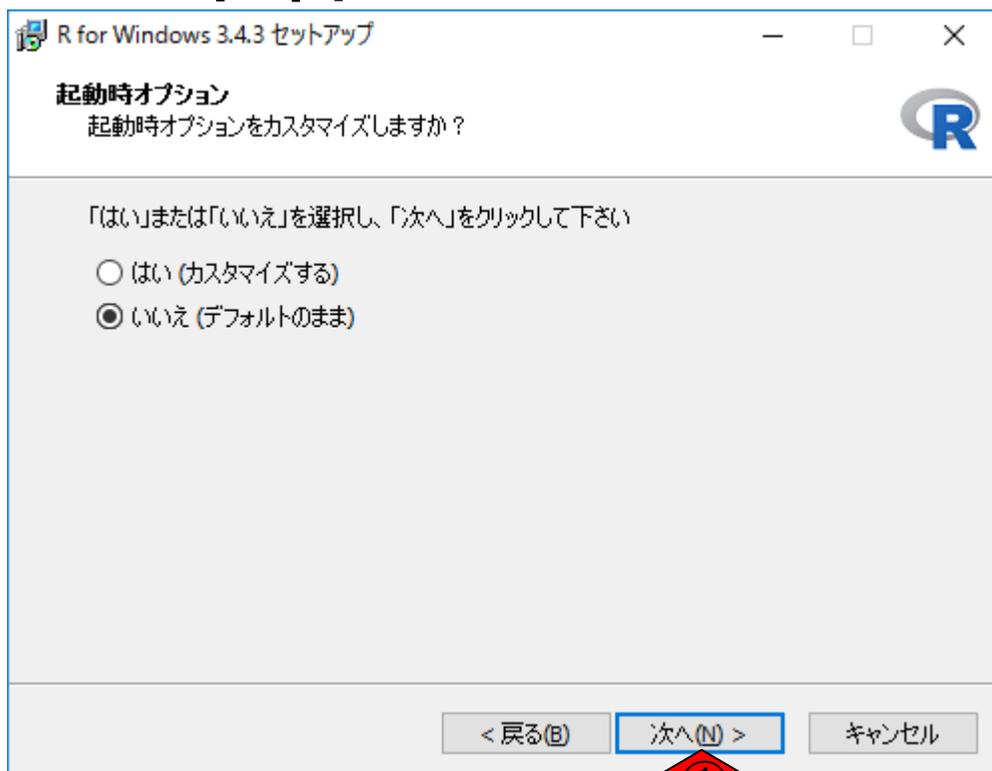


R本体のインストール

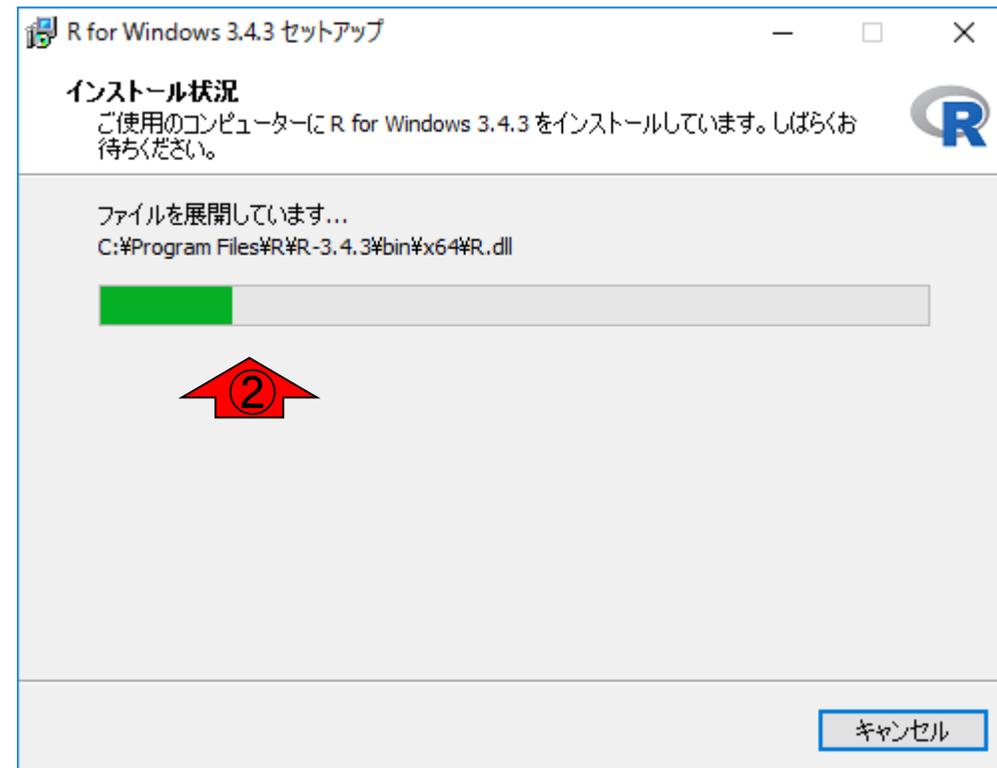
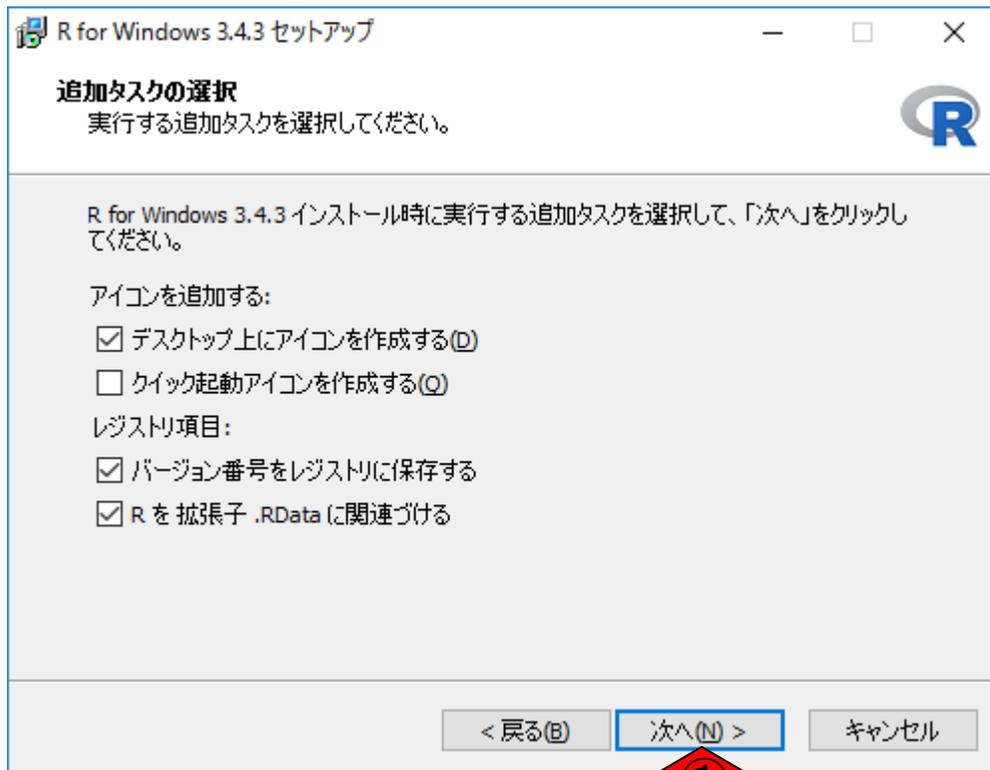
①ここにR本体がインストールされます。このときはver. 3.4.3でした。②次へ、③次へ



R本体のインストール



R本体のインストール



インストールが無事完了したようです。①完了

R本体のインストール



PC環境設定

①ファイルの拡張子を
明示させる作業です

インストール | R本体 | 最新版 | Win用

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 i386 3.X.Y(32 bitの場合; XやYの数值はバージョンによって異なります)」または「R x64 3.X.Y(64 bitの場合)」アイコンが作成されます。私は「R i386 3.X.Y」のアイコンは使わないので、いつもゴミ箱に捨てています。「R x64 3.X.Y」アイコンのほうのみ利用しています。尚、エンドユーザには実質的に無縁のものだと思いますが開発版([devel版](#))というのがあります。

1. [Rのインストーラ](#)を「実行」
2. 聞かれるがままに「次へ」などを押してとにかく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。

インストール | R本体 | 最新版 | Mac用

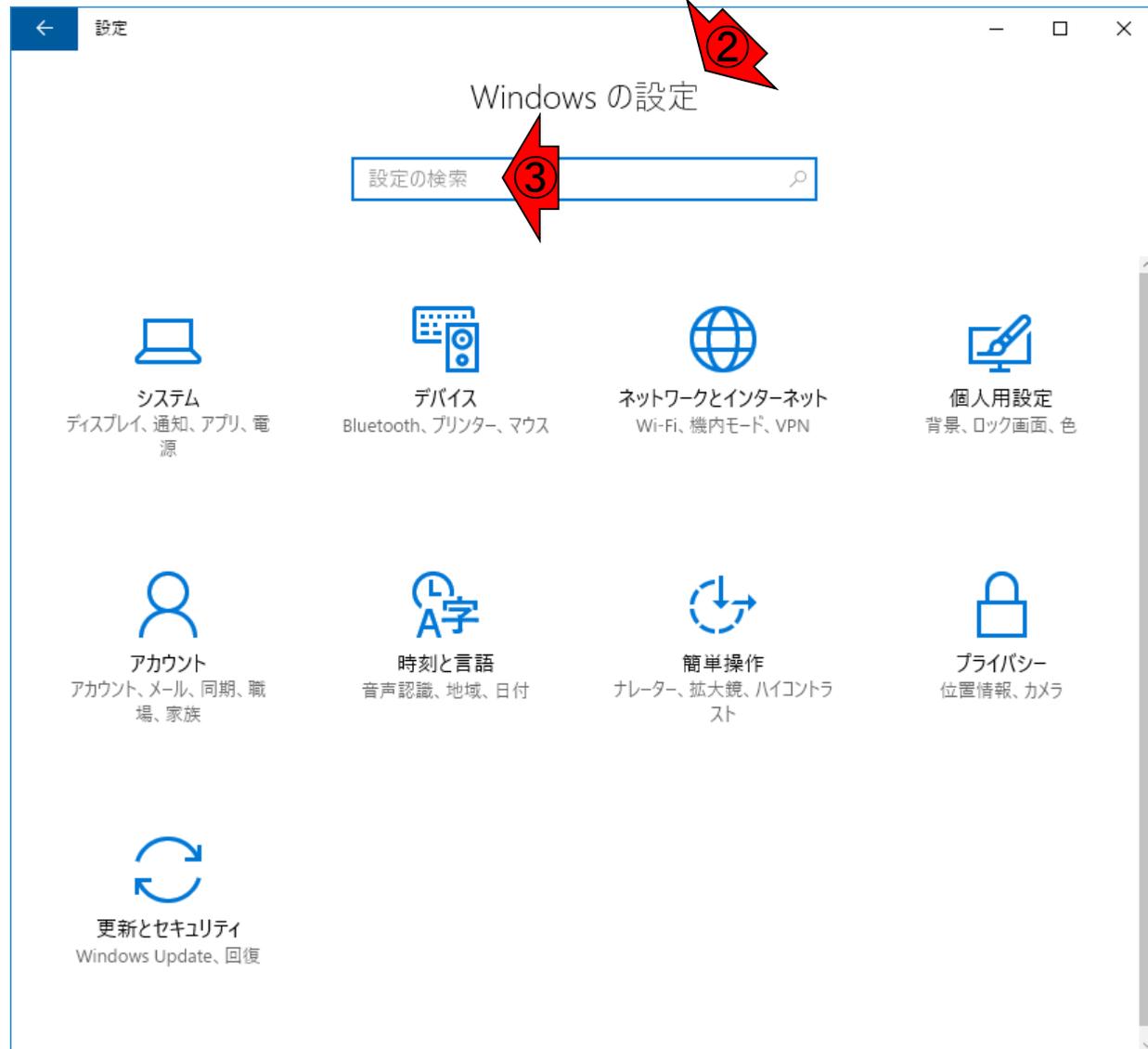
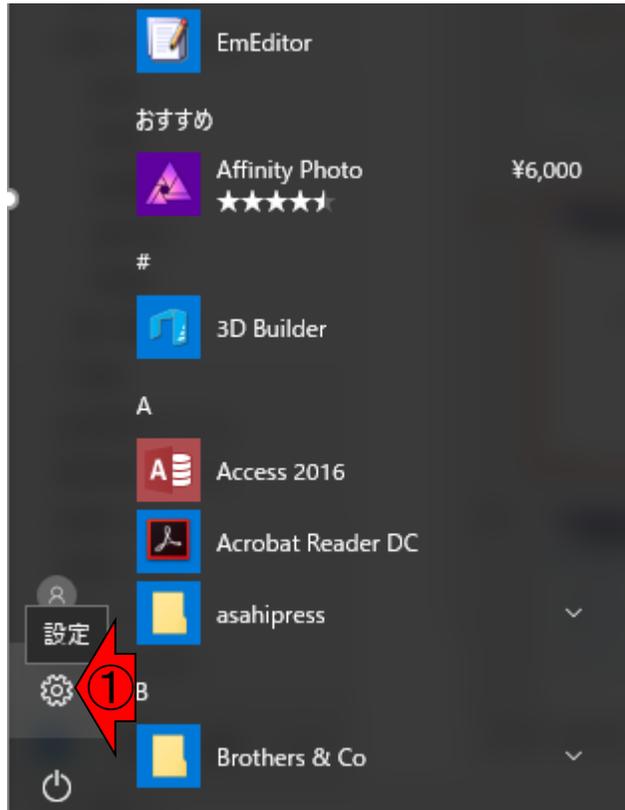
最新版(リリース版のことは、下記手順を実行します。インストールが無事完了したら、Finderを起動して、左のメニューの「アプリケーション」をクリックすると、Rのアイコンが作成されていることが確認できます。Win同様、エンドユーザには実質的に無縁のものだと思いますがMacにも開発版([devel版](#))というのがあります。R-3.1.3までは、R-3.1.3-marvericks.pkgやR-3.1.3-snowleopard.pkgといった記述になっていましたが、R-3.2.0以降は太字部分が消えています。

1. <http://cran.r-project.org/bin/macosx/>の「R-3.X.Y.pkg」をクリック。(XやY中の数值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、聞かれるがままに「次へ」などを押してとにかく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。

インストール | R本体 | 過去版 | Win用 [トップページへ](#)

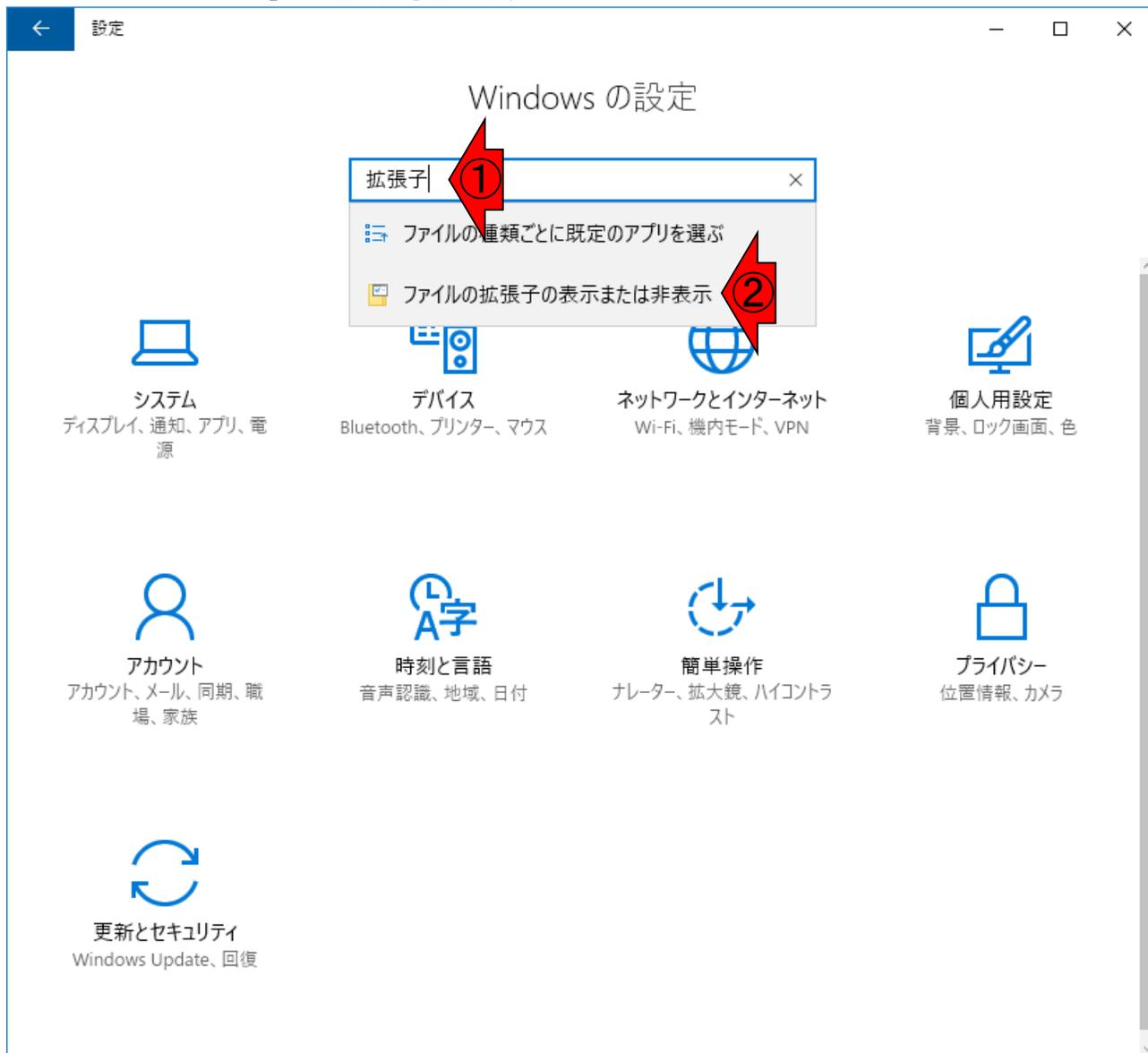
PC環境設定

Windows10の場合は、こんな感じに見えるので、①設定。②のような画面になるので、③設定の検索のところまで…



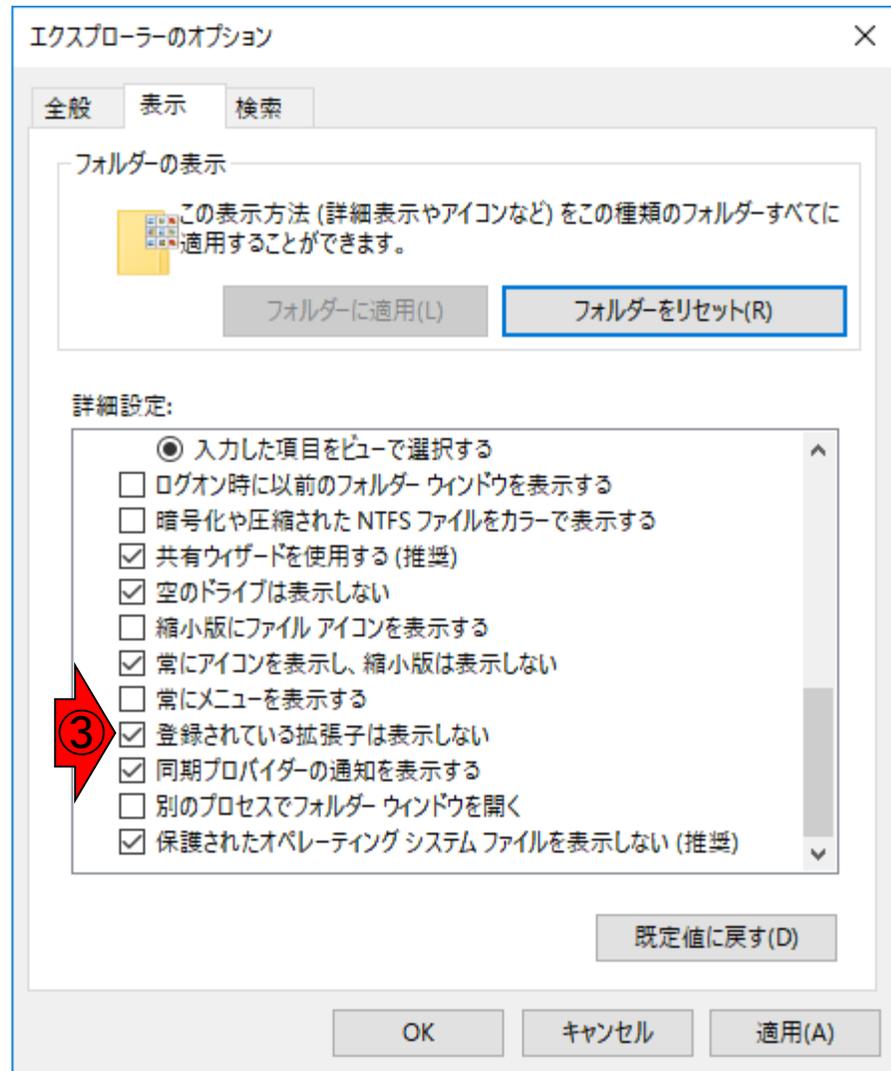
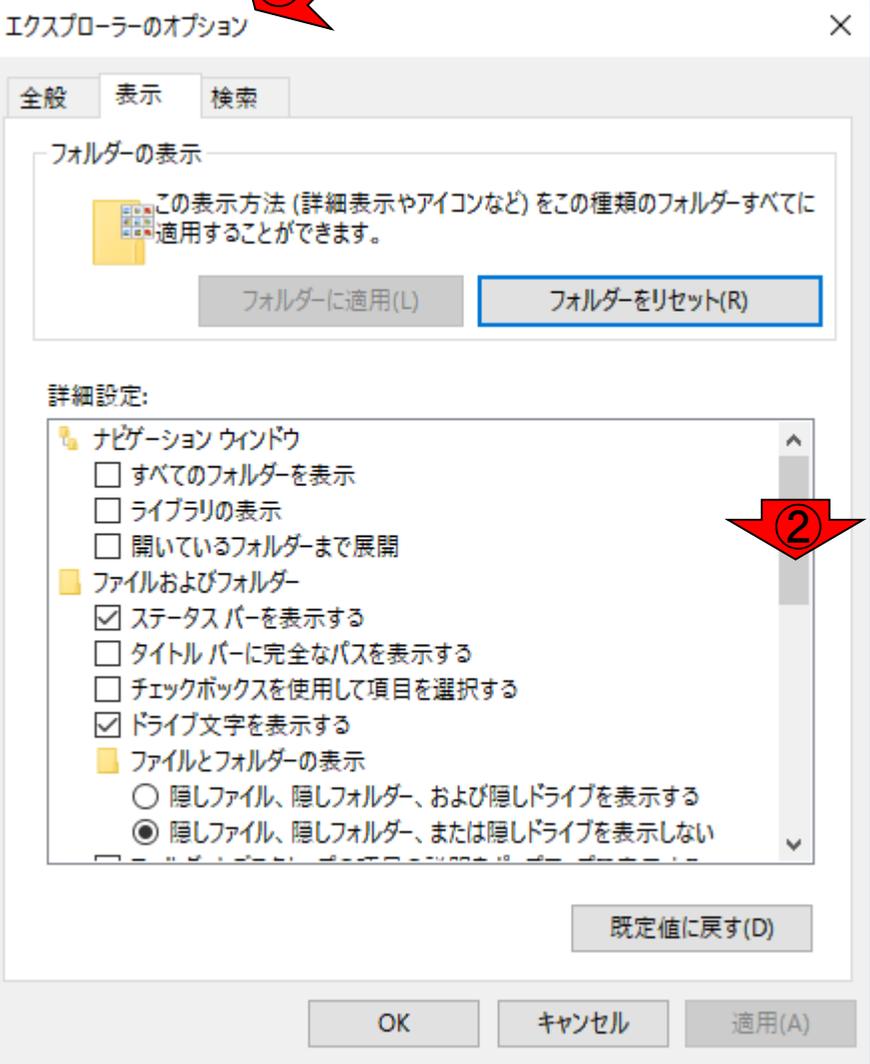
PC環境設定

①拡張子と打つと、すぐに直下に候補が見られるので、②を選択

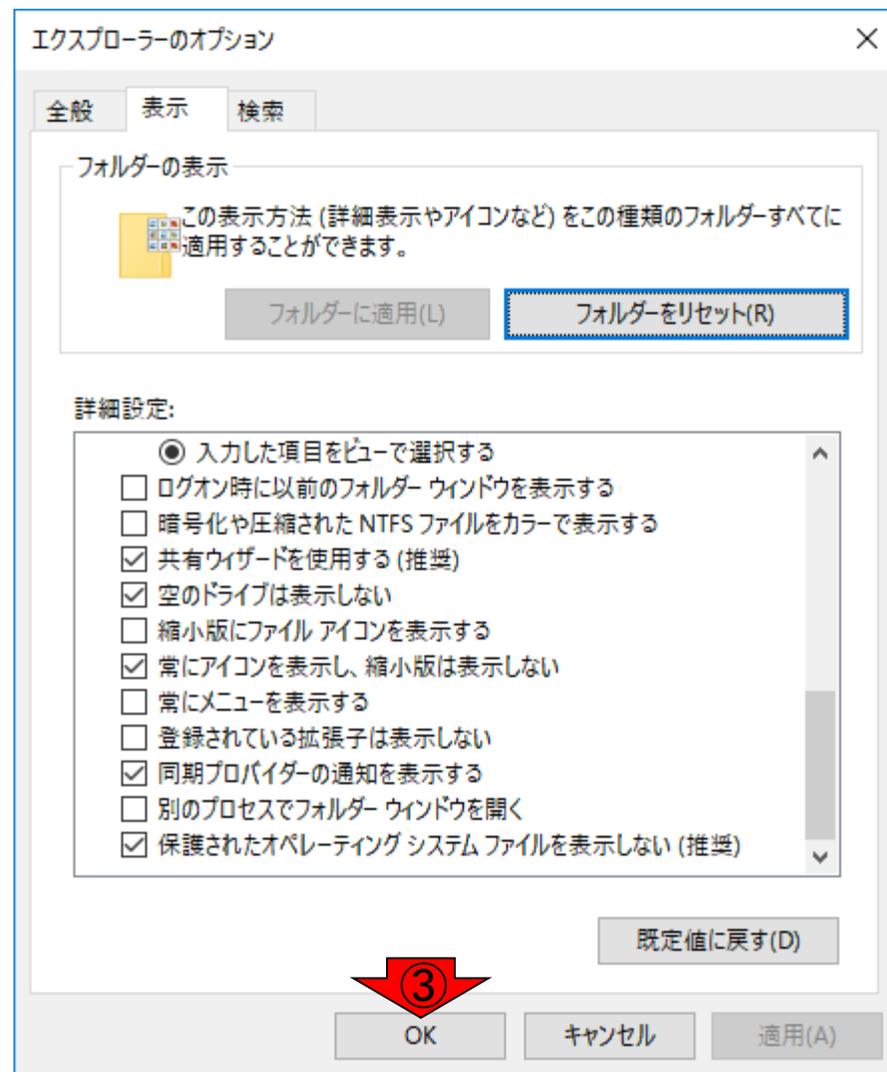
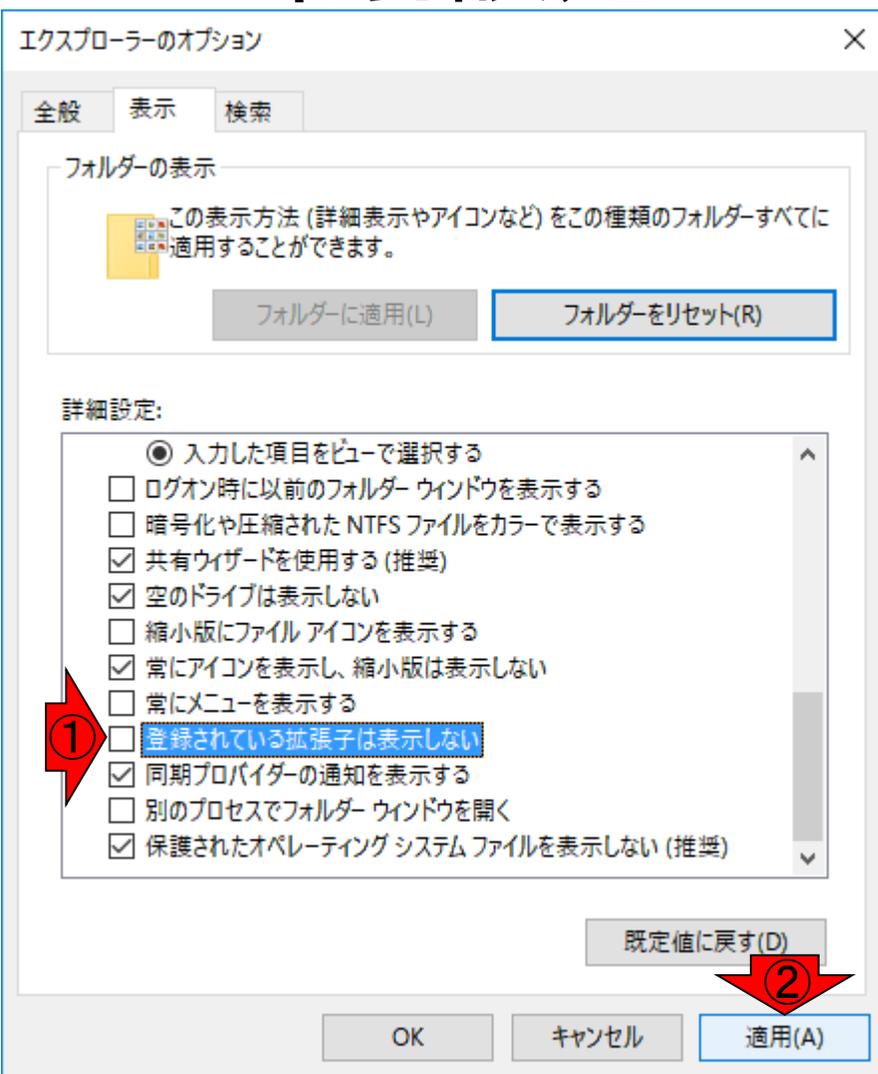


PC環境設定

①エクスプローラーのオプションの表示タブが開く。②下にスクロールすると、③登録されている拡張子は表示しないの項目が見つかるので…

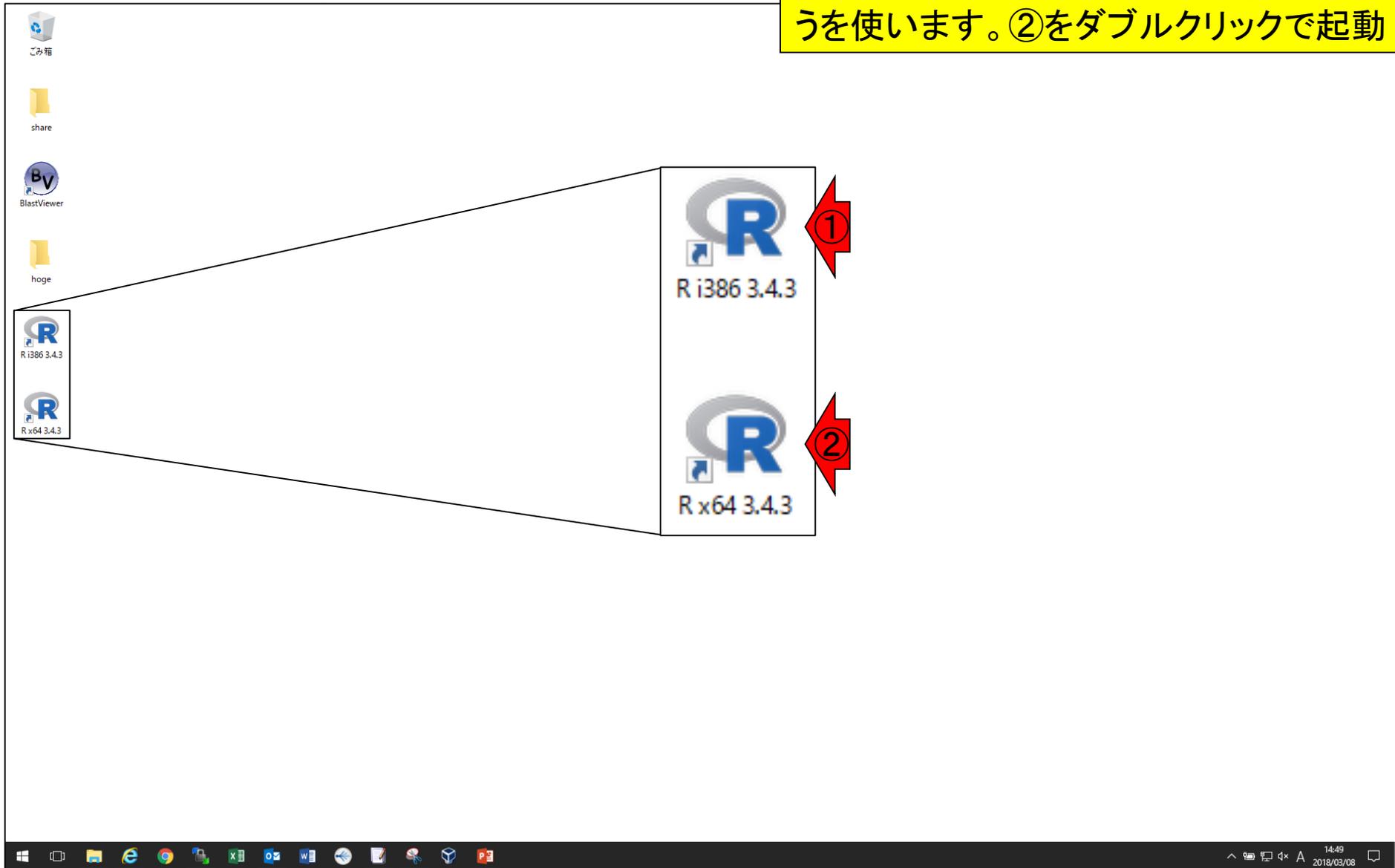


PC環境設定

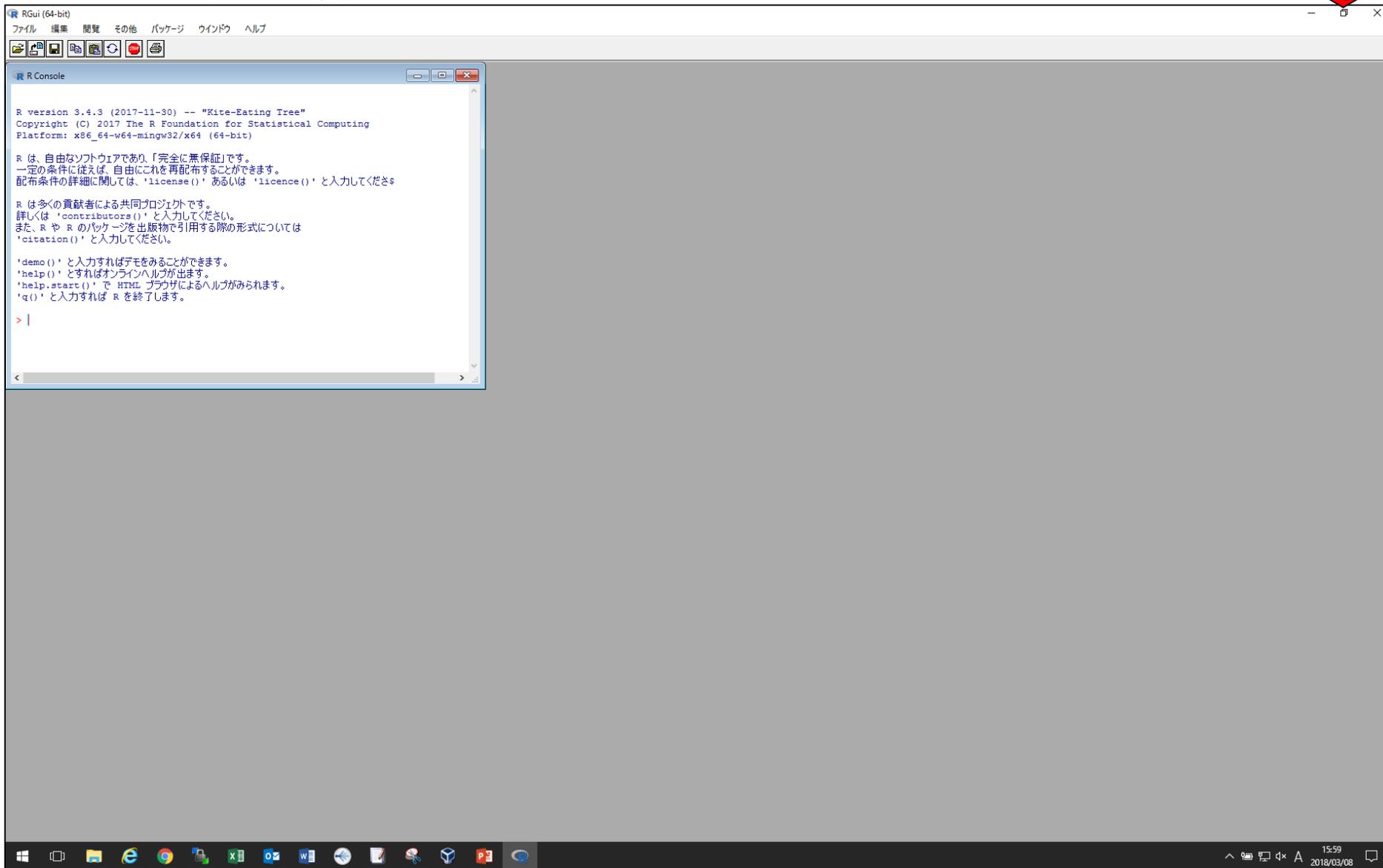


Rの起動

デスクトップ上に2つのアイコンが作成されます。
①R i386 3.X.Yのほうは32 bit版で私は通常使わないのでゴミ箱行きにします。②R x64 3.X.Yのほうを使います。②をダブルクリックで起動

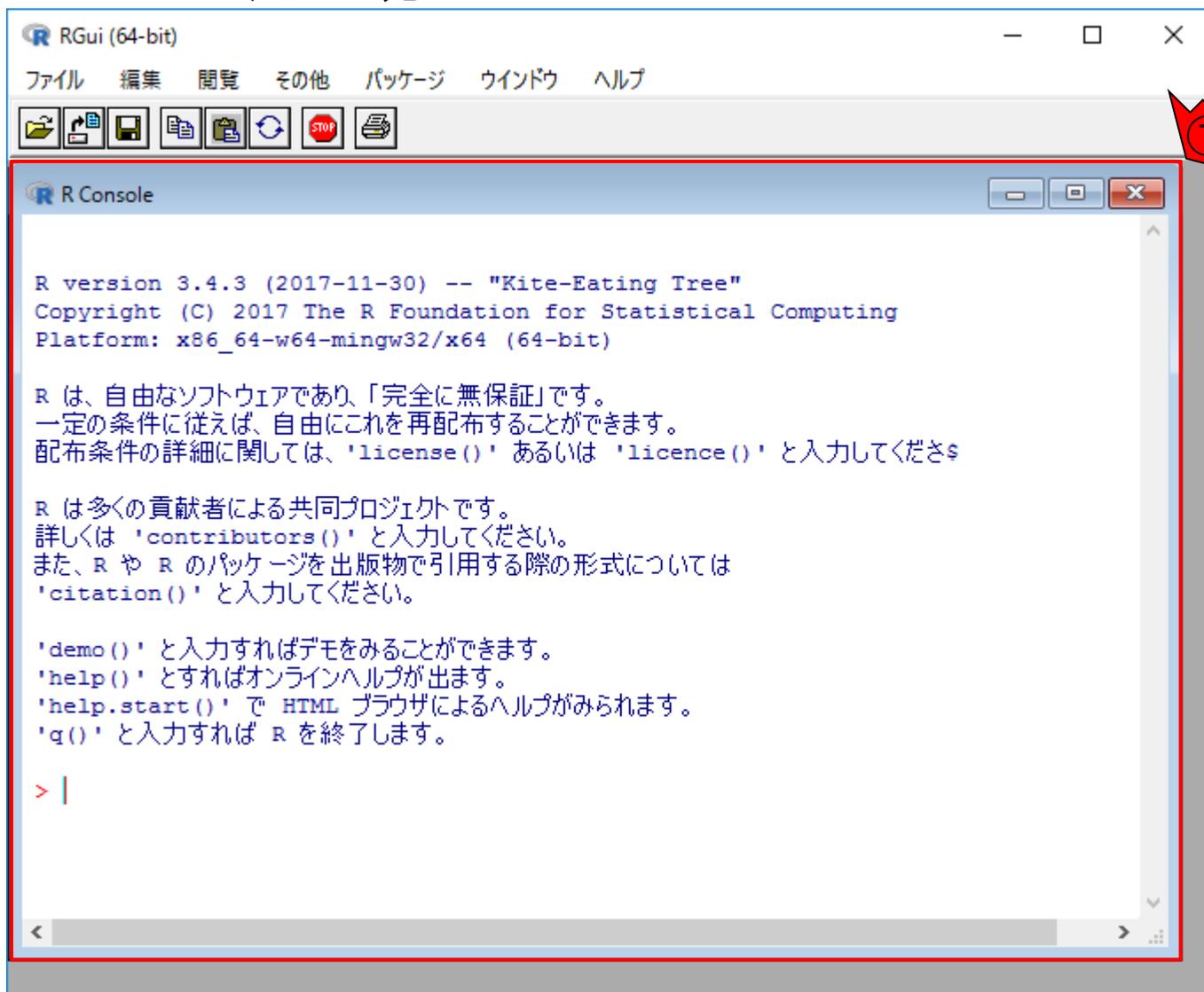


Rの起動



Rの起動

①赤枠で囲まれた部分が「Rコンソール画面」



```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ
R Console
R version 3.4.3 (2017-11-30) -- "Kite-Eating Tree"
Copyright (C) 2017 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

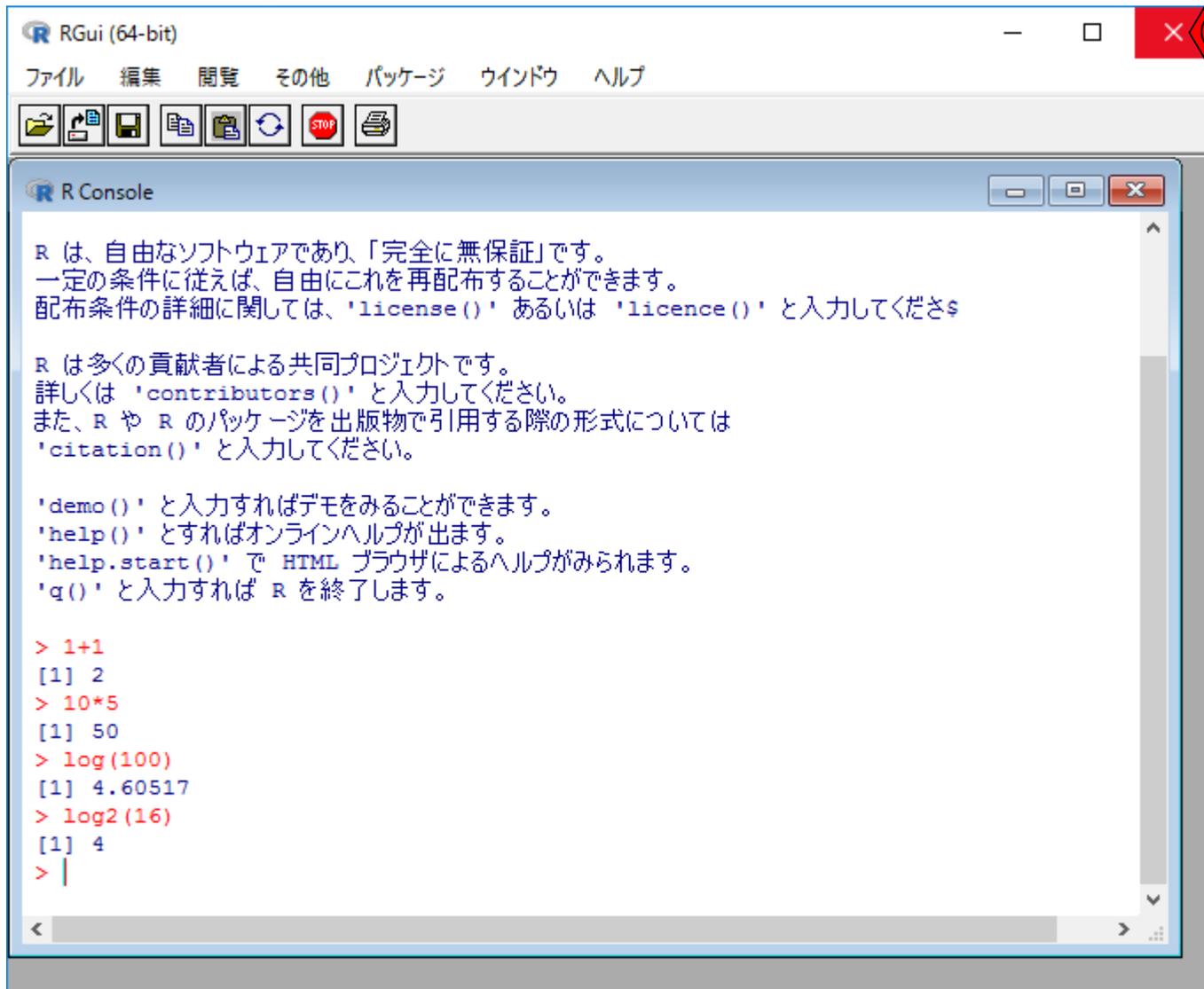
R は、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。
一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。
配布条件の詳細に関しては、'license()' あるいは 'licence()' と入力してくださ$

R は多くの貢献者による共同プロジェクトです。
詳しくは 'contributors()' と入力してください。
また、R や R のパッケージを出版物で引用する際の形式については
'citation()' と入力してください。

'demo()' と入力すればデモをみることができます。
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
'q()' と入力すれば R を終了します。

> |
```

Rの終了



RGui (64-bit)

ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ

R Console

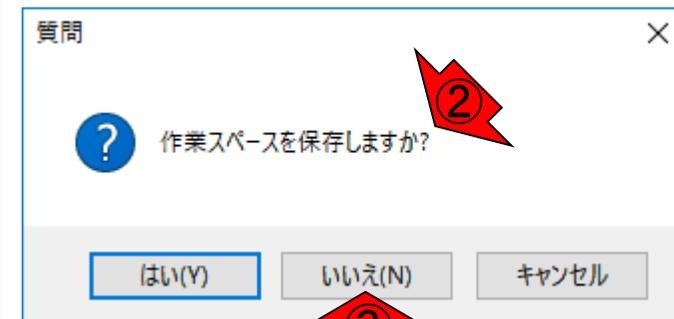
R は、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。
一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。
配布条件の詳細に関しては、`'license()'` あるいは `'licence()'` と入力してください

R は多くの貢献者による共同プロジェクトです。
詳しくは `'contributors()'` と入力してください。
また、R や R のパッケージを出版物で引用する際の形式については
`'citation()'` と入力してください。

`'demo()'` と入力すればデモをみることができます。
`'help()'` とすればオンラインヘルプが出ます。
`'help.start()'` で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
`'q()'` と入力すれば R を終了します。

```
> 1+1
[1] 2
> 10*5
[1] 50
> log(100)
[1] 4.60517
> log2(16)
[1] 4
> |
```

通常のソフトウェアと同様、
①右上の×ボタンを押せばよい。
②「作業スペースを保存しますか?」というダイアログが出るが、最初のうちは
③いいえでよい。間違っても「はい」を押してしまっても.Rdataと.Rhistoryという2つのファイルが作成されるだけなので特に問題はない



質問

? 作業スペースを保存しますか?

はい(Y) いいえ(N) キャンセル

Rパッケージのインストール

このウェブページのR関連部分は、[インストール](#)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法([Windows2015.04.03版](#)と[Macintosh2015.04.03](#)(2015/04/03))

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2018/03/08, since 2010)

What's new?

- [アグリバイオインフォマティクス教育研究](#)以外の企業の方、研究員、大学院生が2農学部2号館2階化学第一講義室で開催
- Silhouetteスコアの新たな使い道提唱論文([シルエットスコア](#))に示しました。(2018/0)
- Silhouetteスコアの新たな使い道提唱論文
- 「平成29年度NGSハンズオン講習会」の重
- [門田からメール返信をもらえない場合は](#)
- [はじめに](#) (last modified 2015/03/31)
- 参考資料 | [書籍、学会誌](#) (last modified 20
- 参考資料 | [講習会、講義、講演資料](#) (last
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/03/0
- [インストール|について](#) (last modified 201
- [インストール | R本体 | 最新版 | Win用](#) (la
- [インストール | R本体 | 最新版 | Mac用](#) (la
- [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 | **ほぼ全て\(20GB以上?!\)**](#) (last modified 2015/05/25)
- [インストール | Rパッケージ | **必要最小限プラスアルファ\(数GB?!\)**](#) (last modified 2017/03/13)推奨
- [インストール | Rパッケージ | **必要最小限プラスアルファ\(アグリバイオ居室のみ\)**](#) (last modified 2015/06/16)
- [インストール | Rパッケージ | **必要最小限\(数GB?!\)**](#) (last modified 2015/05/25)
- [インストール | Rパッケージ | **個別**](#) (last modified 2015/06/10)
- (削除予定)[Rのインストールと起動](#) (last modified 2016/02/21)
- (削除予定)[個別パッケージのインストール](#) (last modified 2015/02/20)
- [基本的な利用法](#) (last modified 2015/04/03)
- [サンプルデータ](#) (last modified 2018/01/11)
- [バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム\(次世代シーケンサ\) | NGSハンズオン講習会2017](#) (last modified 2017/08/08)
- [バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム\(次世代シーケンサ\) | NGSハンズオン講習会2016](#) (last modified 2016/08/22)
- [バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム\(次世代シーケンサ\) | NGSハンズオン講習会2015](#) (last modified 2016/08/19)
- [バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム\(次世代シーケンサ\) | 速習コース2014](#) (last modified 2015/02/11)
- [書籍 | **トランスクリプトーム解析|について**](#) (last modified 2014/05/12)
- [書籍 | **トランスクリプトーム解析 | 2.3.1 RNA-seqデータ\(FASTQファイル\)**](#) (last modified 2016/03/17)
- [書籍 | **トランスクリプトーム解析 | 2.3.2 リファレンス配列**](#) (last modified 2014/04/16)
- [書籍 | **トランスクリプトーム解析 | 2.3.3 アノテーション情報**](#) (last modified 2017/08/02)

[トップページへ](#)



Rパッケージのインストール1

インストール | Rパッケージ | 必要最小限

(Rで)塩基配列解析、(Rで)マイクロアレイデータ解析中のやり方です。Rパッケージの2大リポジトリであるCRANとBioconductorに相当しますので、相当短時間でインストールかという指摘を受けたので2016.04.11にコメントアウト

1. R本体を起動 ①
2. CRANから提供されている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。どこか場所から近いサイトを指定しましょう。

```
#options(repos="http://cran.ism.ac.jp/")
#(Rで)塩基配列解析で主に利用
install.packages("clValid")
install.packages("openxlsx")
install.packages("PoissonSeq")
install.packages("rbamtools")
install.packages("samr")
install.packages("seqinr")

#(Rで)マイクロアレイデータ解析で利用
install.packages("cclust")
install.packages("class")
install.packages("e1071")
install.packages("GeneCycle")
install.packages("gptk")
install.packages("GSA")
install.packages("mixOmics")
install.packages("nvclust")
```

R version 3.4.3 (2017-11-30) -- "Kite-Eating Tree"
 Copyright (C) 2017 The R Foundation for Statistical Computing
 Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R は、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。
 一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。
 配布条件の詳細に関しては、'license()' あるいは 'licence()' と入力してください\$

R は多くの貢献者による共同プロジェクトです。
 詳しくは 'contributors()' と入力してください。
 また、R や R のパッケージを出版物で引用する際の形式については
 'citation()' と入力してください。

'demo()' と入力すればデモをみることができます。
 'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
 'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
 'q()' と入力すれば R を終了します。

> |

Rパッケージのインストール2

①CRANから提供されているパッケージのインストールを行います。ブラウザがInternet Explorerの場合は、②赤枠内で「CTRL + Alt + 左クリック」または「トリプルクリック」で全選択できます

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_

インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ(数GB?!)

(Rで)塩基配列解析、(Rで)マイクロアレイデータ解析中で利用するパッケージ、プラスアルファのパッケージをインストールするやり方です。Rパッケージの2大リポジトリであるCRANとBioconductorから提供されているパッケージ群のうち、一部のインストールに相当しますので、相当短時間でインストールが完了します。「options(repos="http://cran.ism.ac.jp/")」が使えなくなっているという指摘を受けたので2016.04.11にコメントアウトしました。

1. R本体を起動

2. CRANから提供されているパッケージ群のインストール

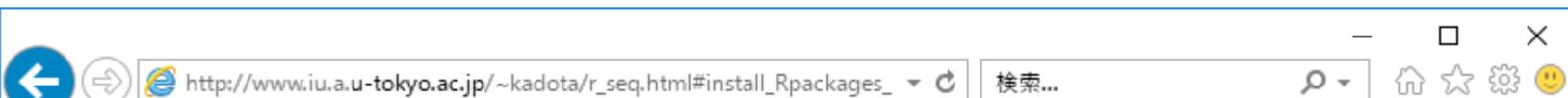
以下を「R コンソール画面上」でコピー&ペースト。どこからダウンロードするか?と聞かれるので、その場合は自分のいる場所から近いサイトを指定しましょう。

```
#options(repos="http://cran.ism.ac.jp/")#利用するリポジトリを指定(統計数理研究所の場合)
#(Rで)塩基配列解析で主に利用
install.packages("clValid") #Dunn's index計算用のパッケージ。2016.11.03追加
install.packages("openxlsx") #EXCELファイル(.xlsx)を直接読み込むためのパッケージ。201
install.packages("PoissonSeq")
install.packages("rbamtools") #BAM形式ファイルを直接読み込むためのパッケージ。2016.09.1
install.packages("samr") #Rで)マイクロアレイデータ解析でも利用
install.packages("seqinr") #Rで)マイクロアレイデータ解析でも利用

#(Rで)マイクロアレイデータ解析で利用
install.packages("cclust")
install.packages("class")
install.packages("e1071")
install.packages("GeneCycle")
install.packages("gptk")
install.packages("GSA")
install.packages("mixOmics")
install.packages("nvclust")
```

[トップページへ](#)

Rパッケージのインストール2



インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ(数GB?!)

(Rで)塩基配列解析、(Rで)マイクロアレイデータ解析中で利用するパッケージ、プラスアルファのパッケージをインストールするやり方です。Rパッケージの2大リポジトリであるCRANとBioconductorから提供されているパッケージ群のうち、一部のインストールに相当しますので、相当短時間でインストールが完了します。「options(repos="http://cran.ism.ac.jp/")」が使えなくなっているという指摘を受けたので2016.04.11にコメントアウトしました。

1. R本体を起動

2. CRANから提供されている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、その場合は自分のいる場所から近いサイトを指定しましょう。

```
#options(repos="http://cran.ism.ac.jp/")#利用するリポジトリを指定(統計数理研究所の場合)
#(Rで)塩基配列解析で主
install.packages("c1V
install.packages("ope
install.packages("Poi
install.packages("rba
install.packages("sam
install.packages("seq

#(Rで)マイクロアレイデ
install.packages("ccl
install.packages("cla
install.packages("e10
install.packages("Gen
install.packages("gpt
install.packages("GSA
install.packages("mix
install.packages("nvc
```

Rパッケージのインストール2

インストール | Rパッケージ | 必要最小限

(Rで)塩基配列解析、(Rで)マイクロアレイデータ解析中のやり方です。Rパッケージの2大リポジトリであるCRANとBioconductorに相当しますので、相当短時間でインストールかているという指摘を受けたので2016.04.11にコメントアウト

1. R本体を起動
2. CRANから提供されている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。どこか場所から近いサイトを指定しましょう。

```
#options(repos="http://cran.ism.ac.jp/")
#(Rで)塩基配列解析で主に利用
install.packages("clValid")
install.packages("openxlsx")
install.packages("PoissonSeq")
install.packages("rbamtools")
install.packages("samr")
install.packages("seqinr")

#(Rで)マイクロアレイデータ解析で利用
install.packages("cclust")
install.packages("class")
install.packages("e1071")
install.packages("GeneCycle")
install.packages("gptk")
install.packages("GSA")
install.packages("mixOmics")
install.packages("nvclust")
```

RGui (64-bit)

R Console

```
R version 3.4.3 (2017-11-30) -- "Kite-Eating Tree"
Copyright (C) 2017 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)
```

R は、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。配布条件の詳細に関しては、'license()' あるいは 'licence()' と入力してください

R は多くの貢献者による共同プロジェクトです。詳しくは 'contributors()' と入力してください。また、R や R のパッケージを出版物で引用する際 'citation()' と入力してください。

'demo()' と入力すればデモをみることができます。'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプ 'q()' と入力すれば R を終了します。

> |

| | |
|--|---------------|
| コピー | Ctrl+C |
| ペースト | Ctrl+V |
| コマンドのみペースト | |
| コピー & ペースト | Ctrl+X |
| ウインドウの消去 | Ctrl+L |
| 全て選択 | |
| <input checked="" type="checkbox"/> パツァに出力 | Ctrl+W |
| ウインドウを常にトップに置く | |

Rパッケージのインストール2

The screenshot shows the RGui (64-bit) application window. The R Console window is open, displaying the following text:

```
Copyright (C) 2017 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R は、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。
一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。
配布条件の詳細に関しては、'license()' あるいは 'licence()' と入力してください$

R は多くの貢献者による共同プロジェクトで
詳しくは 'contributors()' と入力して
また、R や R のパッケージを出版物で引用
'citation()' と入力してください。

'demo()' と入力すればデモをみることがで
'help()' とすればオンラインヘルプが出ま
'help.start()' で HTML ブラウザによ
'q()' と入力すれば R を終了します。

> #options(repos="http://cran.ism.ac.jp/") #利用するリポジトリを指定(統計数理$
> # (Rで)塩基配列解析で主に利用
> install.packages("clValid") #Dunn's index計算用のパッケージ。20$
install.packages("clValid") で警告がありました:
'lib = "C:/Program Files/R/R-3.4.3/library"' は書き込み可能ではありません
```

A dialog box titled "質問" (Question) is overlaid on the console, asking: "Would you like to use a personal library instead?". The dialog has two buttons: "はい(Y)" (Yes) and "いいえ(N)" (No). A red arrow labeled "①" points to the question mark icon, and another red arrow labeled "②" points to the "はい(Y)" button.

Rパッケージのインストール

R本体のバージョンが3.4.3の場合は、
①「… ¥ Documents ¥ R ¥ win-library ¥ 3.4」というフォルダを作成してRパッケージ群をインストールします。②はい

Copyright (C) 2017 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R は、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。
一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。
配布条件の詳細に関しては、'license()' あるいは 'licence()' と入力してください

R は多くの貢献者による共同プロジェクトで
詳しくは 'contributors()' と入力して
また、R や R のパッケージを出版物で引用
'citation()' と入力してください。

'demo()' と入力すればデモをみることが
'help()' とすればオンラインヘルプが出ま
'help.start()' で HTML ブラウザによ
'q()' と入力すれば R を終了します。

> #options(repos="http://cran.ism.ac.jp/") #利用するリポジトリを指定(統計数理\$
> #(Rで)塩基配列解析で主に利用
> install.packages("clValid") #Dunn's index計算用のパッケージ。20\$
install.packages("clValid") で警告がありました:
'lib = "C:/Program Files/R/R-3.4.3/library"' は書き込み可能ではありません

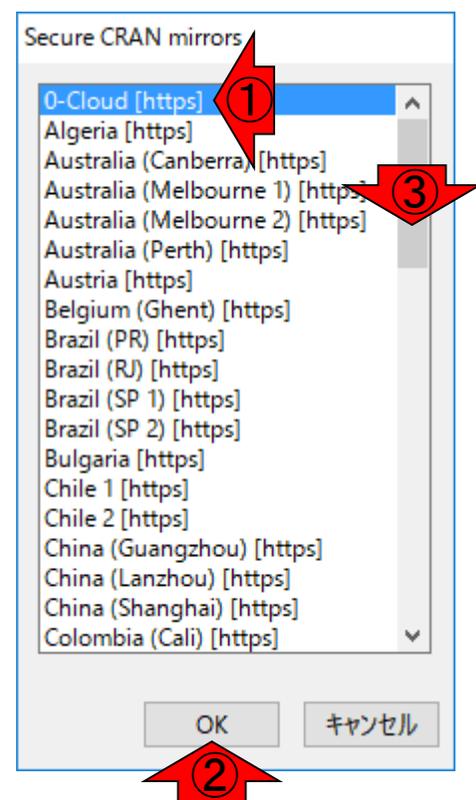
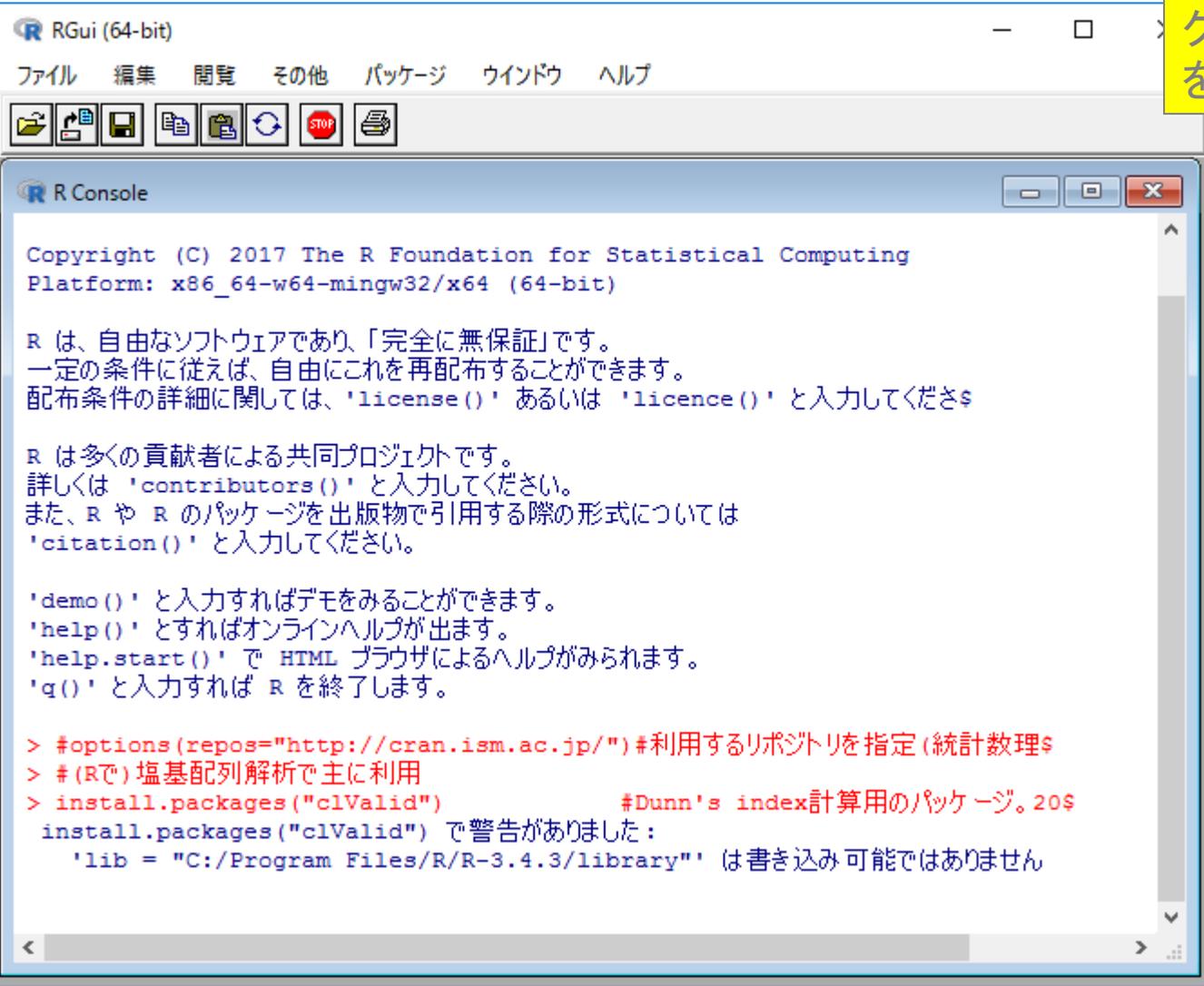
質問

Would you like to create a personal library 'C:\Users\kojik\Documents\R\win-library\3.4' to install packages into?

はい(Y) いいえ(N)

Rパッケージのインストール

どこからダウンロードするかを聞かれているので、ここでは①デフォルト (Cloud)で、②OKとします。③下にスクロールして、日本国内の近い場所を直接指定するほうが早いかも…



Rパッケージのインストール

パッケージのインストールがスタートします。東大有線LAN環境では、①10分程度で起動直後と同じコマンド入力待ち状態(>)になります

```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ

R Console

R は多くの貢献者による共同プロジェクトです。
詳しくは 'contributors()' と入力してください。
また、R や R のパッケージを出版物で引用する際の形式は
'citation()' と入力してください。

'demo()' と入力すればデモをみることができます。
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
'q()' と入力すれば R を終了します。

> #options(repos="http://cran.ism.ac.jp/")#
> #(Rで)塩基配列解析で主に利用
> install.packages("clValid") #D
install.packages("clValid") で警告がありました。
'lib = "C:/Program Files/R/R-3.4.3/libra
--- このセッションで使うために、CRAN のミラーサイトを選
URL 'https://cloud.r-project.org/bin/windo
Content type 'application/zip' length 49345
downloaded 481 KB

パッケージ 'clValid' は無事に展開され、MD5 サムもチ
```

```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ

R Console

> install.packages("rgl")
パッケージを 'C:/Users/kojik/Documents/R/win-library/3.4' 中にインスト-$
('lib' が指定されていないため)
URL 'https://cloud.r-project.org/bin/windows/contrib/3.4/rgl_0.99.9.zip' を$
Content type 'application/zip' length 3876079 bytes (3.7 MB)
downloaded 3.7 MB

パッケージ 'rgl' は無事に展開され、MD5 サムもチエックされました

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
C:\Users\kojik\AppData\Local\Temp\RtmpS21Np6\downloaded_packages

> install.packages("scatterplot3d")
パッケージを 'C:/Users/kojik/Documents/R/win-library/3.4' 中にインスト-$
('lib' が指定されていないため)
URL 'https://cloud.r-project.org/bin/windows/contrib/3.4/scatterplot3d_0.3-$
Content type 'application/zip' length 309312 bytes (302 KB)
downloaded 302 KB

パッケージ 'scatterplot3d' は無事に展開され、MD5 サムもチエックされました

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
C:\Users\kojik\AppData\Local\Temp\RtmpS21Np6\downloaded_packages

> |
```



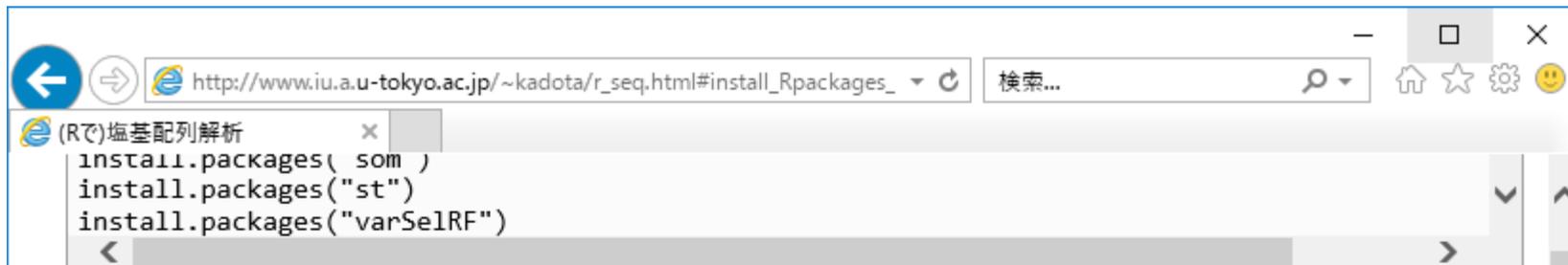
Rパッケージのインストール3

ちょっと下にスクロールしたところ。①Bioconductorから提供されているパッケージ群のインストールを行います。Internet Explorerの場合は、②赤枠内で「CTRL + Alt + 左クリック」または「トリプルクリック」で全選択できます

3. Bioconductorから提供されているパッケージ群のインストール
ゲノム配列パッケージ以外です。

```
source("http://bioconductor.org/biocLite.R")#おまじない
#(Rで)塩基配列解析で主に利用
biocLite("baySeq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("biomaRt", suppressUpdates=TRUE)#(Rで)マイクロアレイデータ解析でも利用
biocLite("Biostrings", suppressUpdates=TRUE)#(Rで)マイクロアレイデータ解析でも利用
#biocLite("BiSeq", suppressUpdates=TRUE)#2016.07.06にコメントアウト(cosmoとdoMCがなくなったよう
biocLite("BSgenome", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("bsseq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("ChIPpeakAnno", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("chipseq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("ChIPseqR", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("ChIPsim", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("cosmo", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("CSAR", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DECIPHER", suppressUpdates=TRUE)#2016.12.29追加
biocLite("DEGseq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DESeq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DESeq2", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DiffBind", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("doMC", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("EBSseq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("EDASeq", suppressUpdates=TRUE)
```

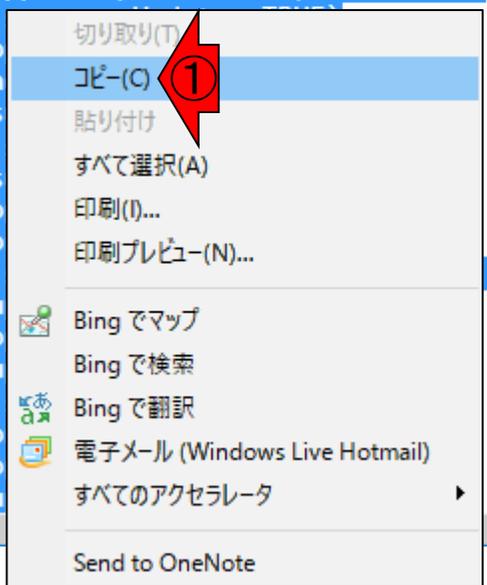
Rパッケージのインストール3



3. Bioconductorから提供されているパッケージ群のインストール

ゲノム配列パッケージ以外です。

```
source("http://bioconductor.org/biocLite.R")#おまじない
#(Rで)塩基配列解析で主に利用
biocLite("baySeq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("biomaRt", suppressUpdates=TRUE)#(Rで)マイクロアレイデータ解析でも利用
biocLite("Biostrings", suppressUpdates=TRUE)#(Rで)マイクロアレイデータ解析でも利用
#biocLite("BiSeq", suppressUpdates=TRUE)#2016.07.06にコメントアウト(cosmoとdoMCがなくなったよう
biocLite("BSgenome",
biocLite("bsseq", sup
biocLite("ChIPpeakAnn
biocLite("chipseq", s
biocLite("ChIPseqR",
biocLite("ChIPsim", s
biocLite("cosmo", sup
biocLite("CSAR", supp
biocLite("DECIPHER",
biocLite("DEGseq", su
biocLite("DESeq", sup
biocLite("DESeq2", su
biocLite("DiffBind",
biocLite("doMC", supp
biocLite("EBSeq", sup
biocLite("EDASeq", su
```



29追加

トップページへ

Rパッケージのインストール

①Rコンソール画面上でペースト。
東大有線LAN環境で約1時間かかります。コンピュータがスリープ状態にならないようにしておきましょう

The screenshot shows the RGui interface with the R Console window open. The console displays the installation of 'rgl' and 'scatterplot3d' packages. A context menu is overlaid on the console, with the 'ペースト' (Paste) option highlighted and marked with a red circle containing the number 1. The background shows a web browser with a URL from iu.a.u-tokyo.ac.jp and a code editor with R commands.

3. Bioconductorから提供されているパッケージ群のインストール
ゲノム配列パッケージ以外です。

```
source("http://bioconductor.org/biocLite")
#(Rで)塩基配列解析で主に利用
biocLite("baySeq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("biomaRt", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("Biostrings", suppressUpdates=TRUE)
#biocLite("BiSeq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("BSgenome", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("bsseq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("ChIPpeakAnno", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("chipseq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("ChIPseqR", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("ChIPsim", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("cosmo", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("CSAR", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DECIPHER", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DEGseq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DESeq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DESeq2", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DiffBind", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("doMC", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("EBSeq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("EDASeq", suppressUpdates=TRUE)
```

R Console Output:

```
> install.packages("rgl")
パッケージを 'C:/Users/kojik/Documents/R/win-library/3.4' 中にインストール
('lib' が指定されていないため)
URL 'https://cloud.r-project.org/bin/windows/contrib/3.4/rgl_0.99.9.zip' を$
Content type 'application/zip' length 3876079 bytes (3.7 MB)
downloaded 3.7 MB

パッケージ 'rgl' は無事に展開され、MD5 サムネイルが生成されました。

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
C:\Users\kojik\AppData\Local\Temp\RtmpS21Np6\downloaded_packages

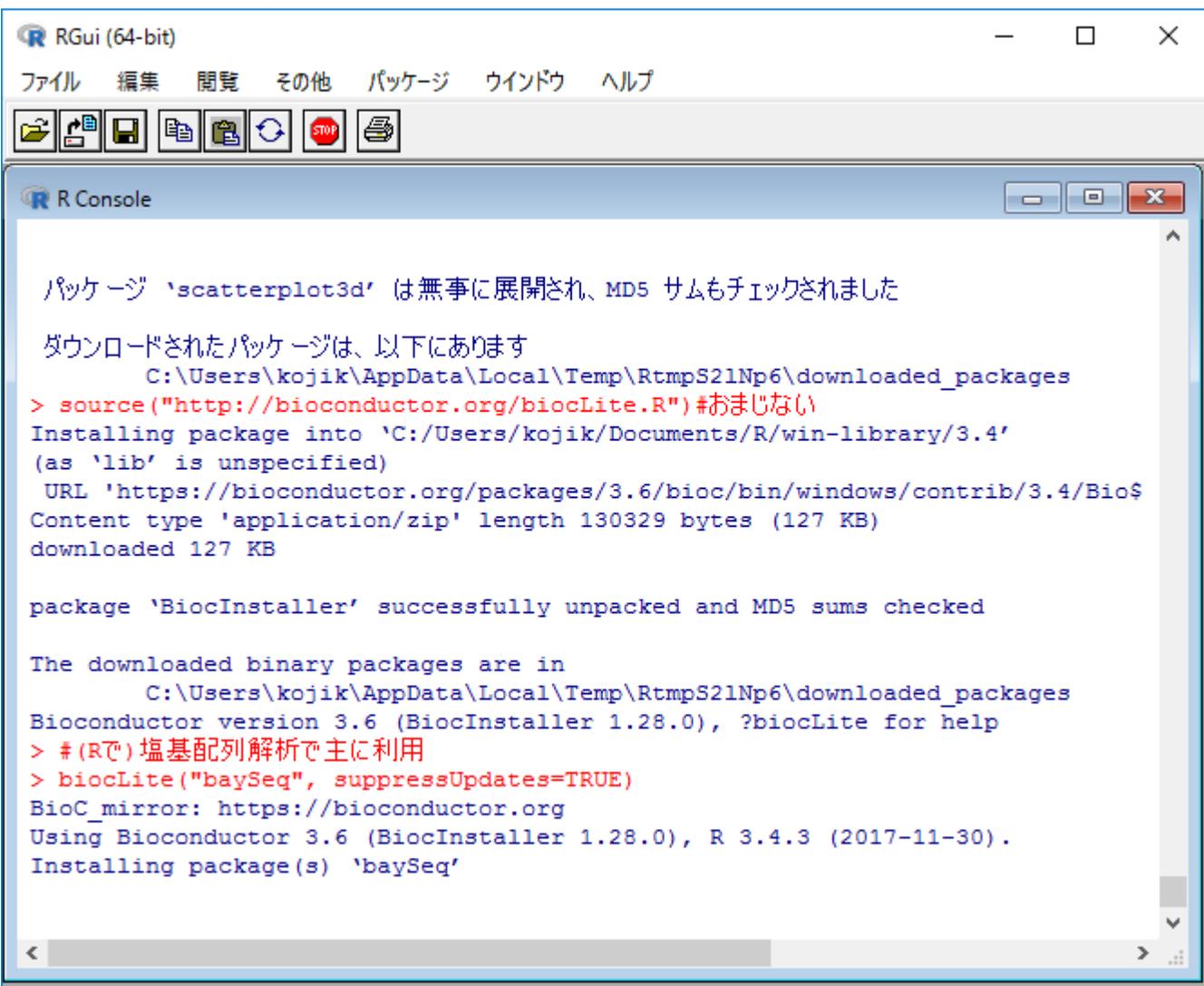
> install.packages("scatterplot3d")
パッケージを 'C:/Users/kojik/Documents/R/win-library/3.4' 中にインストール
('lib' が指定されていないため)
URL 'https://cloud.r-project.org/bin/windows/contrib/3.4/scatterplot3d_0.3-5.zip' を$
Content type 'application/zip' length 318400 bytes (312 KB)
downloaded 302 KB

パッケージ 'scatterplot3d' は無事に展開され、MD5 サムネイルが生成されました。

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
C:\Users\kojik\AppData\Local\Temp\RtmpS21Np6\downloaded_packages

> |
```

Rパッケージのインストール3



```
パッケージ 'scatterplot3d' は無事に展開され、MD5 サムもチェックされました  
ダウンロードされたパッケージは、以下にあります  
C:\Users\kojik\AppData\Local\Temp\RtmpS21Np6\downloaded_packages  
> source("http://bioconductor.org/biocLite.R") #おまじない  
Installing package into 'C:/Users/kojik/Documents/R/win-library/3.4'  
(as 'lib' is unspecified)  
URL 'https://bioconductor.org/packages/3.6/bioc/bin/windows/contrib/3.4/BiocS  
Content type 'application/zip' length 130329 bytes (127 KB)  
downloaded 127 KB  
  
package 'BiocInstaller' successfully unpacked and MD5 sums checked  
  
The downloaded binary packages are in  
C:\Users\kojik\AppData\Local\Temp\RtmpS21Np6\downloaded_packages  
Bioconductor version 3.6 (BiocInstaller 1.28.0), ?biocLite for help  
> #(Rで)塩基配列解析で主に利用  
> biocLite("baySeq", suppressUpdates=TRUE)  
BioC_mirror: https://bioconductor.org  
Using Bioconductor 3.6 (BiocInstaller 1.28.0), R 3.4.3 (2017-11-30).  
Installing package(s) 'baySeq'
```

Rパッケージのインストール3

```

Using Bioconductor 3.6 (BiocInstaller 1.28.0), R 3.4.3 (2017-11-30).
Installing package(s) 'topGO'
  URL 'https://bioconductor.org/packages/3.6/bioc/bin/windows/contrib/3.4/topGO'
Content type 'application/zip' length 2590930 bytes (2.5 MB)
downloaded 2.5 MB

package 'topGO' successfully unpacked and MD5 sums checked

The downloaded binary packages are in
  C:\Users\kojik\AppData\Local\Temp\RtmpS21Np6\downloaded_packages
> biocLite("vsn", suppressUpdates=TRUE)
BioC_mirror: https://bioconductor.org
Using Bioconductor 3.6 (BiocInstaller 1.28.0), R 3.4.3 (2017-11-30).
Installing package(s) 'vsn'
  URL 'https://bioconductor.org/packages/3.6/bioc/bin/windows/contrib/3.4/vsn'
Content type 'application/zip' length 2997851 bytes (2.9 MB)
downloaded 2.9 MB

package 'vsn' successfully unpacked and MD5 sums checked

The downloaded binary packages are in
  C:\Users\kojik\AppData\Local\Temp\RtmpS21Np6\downloaded_packages
> |
  
```

Rパッケージのインストール4

Bioconductorから提供されているパッケージのうち、①1つ1つのサイズが大きいゲノム配列パッケージ群のインストールを行います。R本体は、一旦終了して再起動してもいいし、前のスライドの続きからやってもよい

```
http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_
(Rで)塩基配列解析
biocLite("ChIPseqK", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("ChIPsim", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("cosmo", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("CSAR", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DECIPHER", suppressUpdates=TRUE) #2016.12.29追加
biocLite("DEGseq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DESeq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DESeq2", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DiffBind", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("doMC", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("EBSeq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("EDASeq", suppressUpdates=TRUE)
```

①

4. Bioconductorから提供されているパッケージ群のインストール

ゲノム配列パッケージです。一つ一つの容量が尋常でないため、必要に応じてテキストエディタなどに予めコピーしておき、いらぬゲノムパッケージを削除してからお使いください。

```
source("http://bioconductor.org/biocLite.R") #おまじない
biocLite("BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9", suppressUpdates=TRUE) #シロイヌナズナゲノム
biocLite("BSgenome.Celegans.UCSC.ce6", suppressUpdates=TRUE) #線虫ゲノム
biocLite("BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7", suppressUpdates=TRUE) #ゼブラフィッシュゲノム
biocLite("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38", suppressUpdates=TRUE) #ヒトゲノム(GRCh38)
biocLite("BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg19", suppressUpdates=TRUE) #ヒトゲノム(hg19)
biocLite("BSgenome.Mmusculus.UCSC.mm10", suppressUpdates=TRUE) #マウスゲノム(mm10)
```

[トップページへ](#)

Rパッケージのインストール4

ブラウザのアドレスバー: http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_

```

(Rで)塩基配列解析
biocLite("ChIPseqK", suppressUpdates=IKU)
biocLite("ChIPsim", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("cosmo", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("CSAR", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DECIPHER", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DEGseq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DESeq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DESeq2", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("DiffBind", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("doMC", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("EBSeq", suppressUpdates=TRUE)
biocLite("EDASeq", suppressUpdates=TRUE)
    
```

4. Bioconductorから提供されているパッケージ群のインストール
ゲノム配列パッケージです。一つ一つの容量が尋常でないゲノムパッケージを削除してからお使いください

```

source("http://bioconductor.org/biocLite")
biocLite("BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9")
biocLite("BSgenome.Celegans.UCSC.ce6", s
biocLite("BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7", s
biocLite("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38")
biocLite("BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg19", s
biocLite("BSgenome.Mmusculus.UCSC.mm10", s
    
```

RGui (64-bit)

R Console

```

Using Bioconductor 3.6 (BiocInstaller 1.28.0), R 3.4.3 (2017-11-30).
Installing package(s) 'vsn'
  URL 'https://bioconductor.org/packages/3.6/bioc/bin/windows/contrib/3.4/vsn$
Content type 'application/zip' length 2997851 bytes (2.9 MB)
downloaded 2.9 MB

package 'vsn' successfully unpacked and MD5 sums checked

The download is complete.
39% downloaded
> source
Biocondu
> biocLi
BioC_mir
Using Bi
Installi
installing the source package 'BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9'

  URL 'https://bioconductor.org/packages/3.6/data/annotation/src/contrib/BSge$
Content type 'application/x-gzip' length 33800890 bytes (32.2 MB)
downloaded 32.2 MB
    
```

Rパッケージのインストール4

```

downloaded 600.2 MB

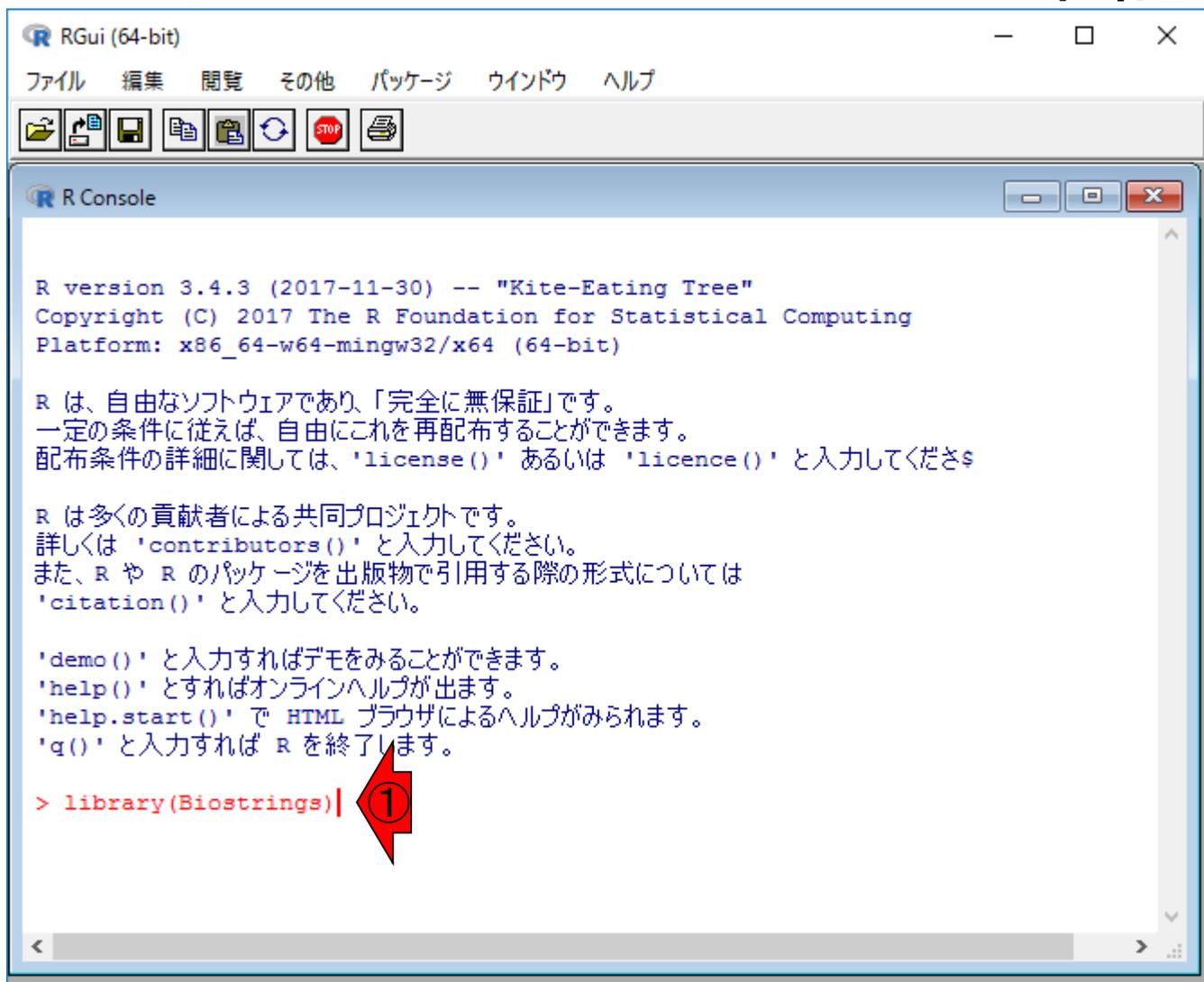
* installing *source* package 'BSgenome.Mmusculus.UCSC.mm10' ...
** R
** inst
** preparing package for lazy loading
** help
*** installing help indices
    converting help for package 'BSgenome.Mmusculus.UCSC.mm10'
      finding HTML links ... 完了
    package              html
Rd warning: C:/Users/kojik/AppData/Local/Temp/RtmpCWmuyt/R.INSTALL2fec54892b$
Rd warning: C:/Users/kojik/AppData/Local/Temp/RtmpCWmuyt/R.INSTALL2fec54892b$
** building package indices
** testing if installed package can be loaded
*** arch - i386
*** arch - x64
* DONE (BSgenome.Mmusculus.UCSC.mm10)
In R CMD INSTALL

The downloaded source packages are in
      'C:\Users\kojik\AppData\Local\Temp\RtmpS21Np6\downloaded_packages'

> |
  
```

パッケージインストール確認

パッケージが正しくインストールされているかを確認します。まず、**Biostrings**というパッケージの読み込みができるかどうかを調べるべく、①`library(Biostrings)`と打ってリターンキーを押す



```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ

R Console

R version 3.4.3 (2017-11-30) -- "Kite-Eating Tree"
Copyright (C) 2017 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R は、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。
一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。
配布条件の詳細に関しては、'license()' あるいは 'licence()' と入力してくださ$

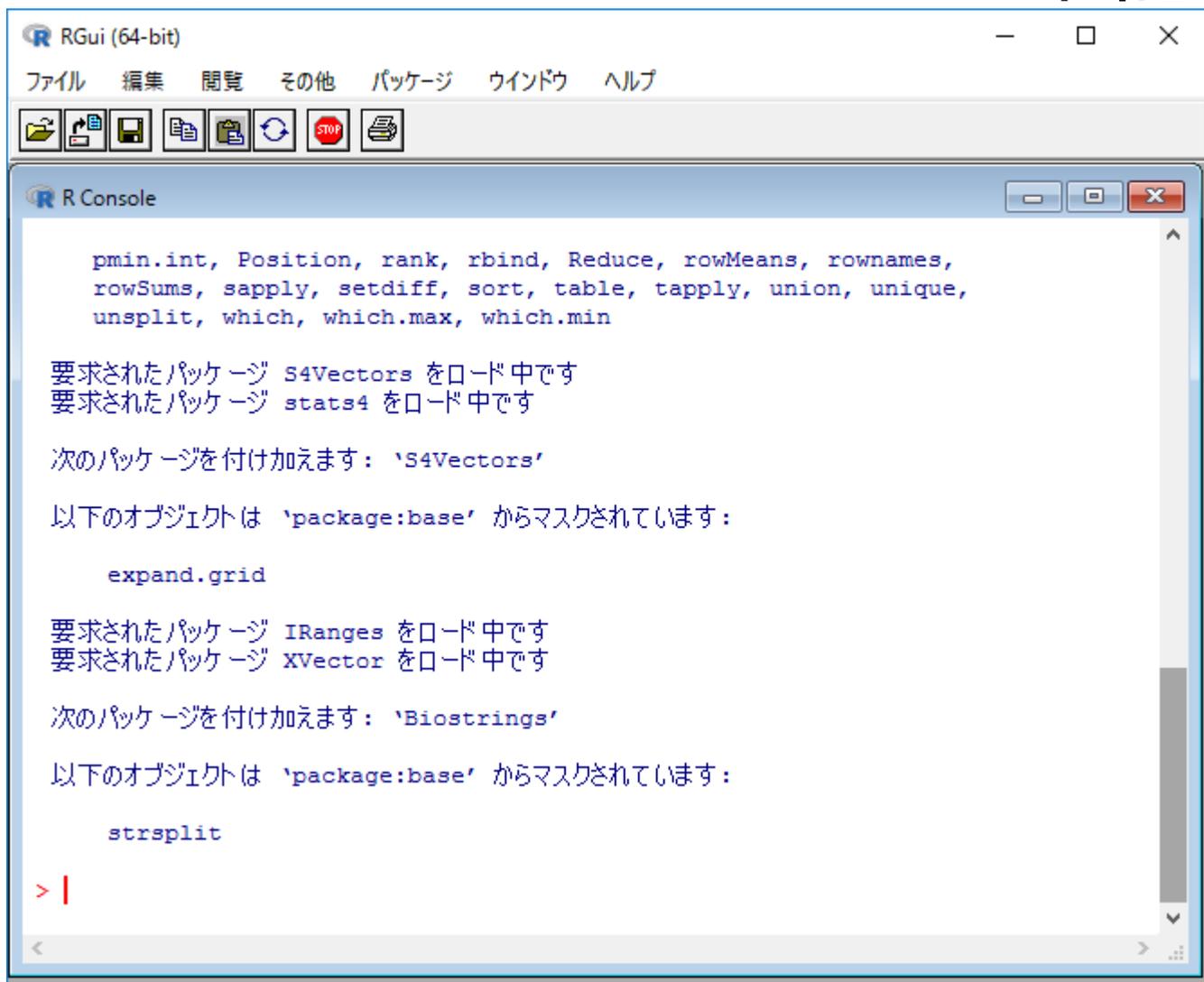
R は多くの貢献者による共同プロジェクトです。
詳しくは 'contributors()' と入力してください。
また、R や R のパッケージを出版物で引用する際の形式については
'citation()' と入力してください。

'demo()' と入力すればデモをみることができます。
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
'q()' と入力すれば R を終了します。

> library(Biostrings)|
```

パッケージインストール確認

こんな感じでエラーメッセージが出ていなければOK



The screenshot shows the RGui (64-bit) interface. The R Console window displays the following output:

```
pmin.int, Position, rank, rbind, Reduce, rowMeans, rownames,  
rowSums, sapply, setdiff, sort, table, tapply, union, unique,  
unsplit, which, which.max, which.min
```

要求されたパッケージ S4Vectors をロード中です
要求されたパッケージ stats4 をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'S4Vectors'

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

```
expand.grid
```

要求されたパッケージ IRanges をロード中です
要求されたパッケージ XVector をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'Biostrings'

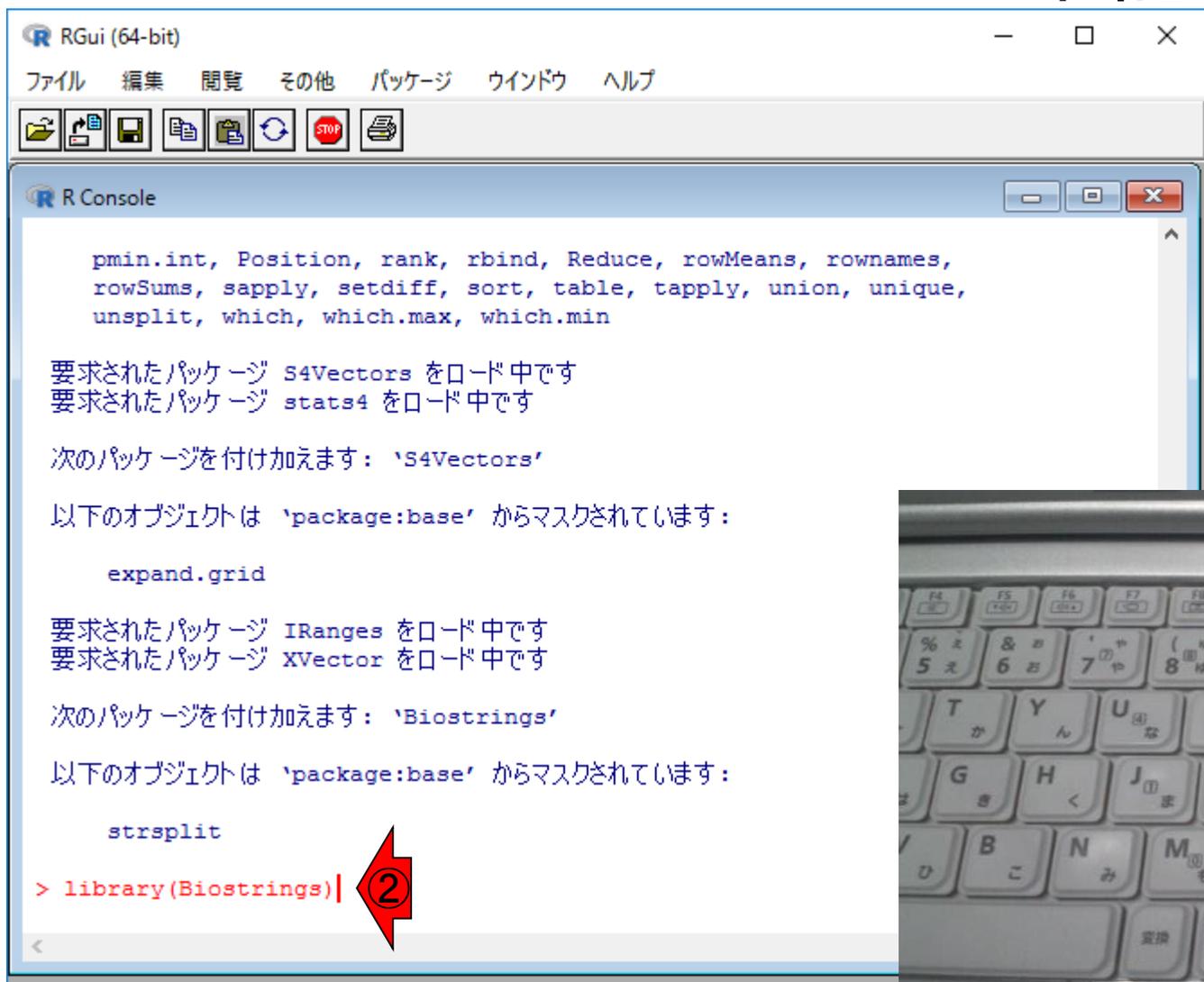
以下のオブジェクトは 'package:base' からマスクされています:

```
strsplit
```

> |

パッケージインストール確認

①キーボードの上矢印キーを1回押すと、②直前に打ち込んだコマンドが表示される



```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ

R Console

pmin.int, Position, rank, rbind, Reduce, rowMeans, rownames,
rowSums, sapply, setdiff, sort, table, tapply, union, unique,
unsplit, which, which.max, which.min

要求されたパッケージ S4Vectors をロード中です
要求されたパッケージ stats4 をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'S4Vectors'

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

  expand.grid

要求されたパッケージ IRanges をロード中です
要求されたパッケージ XVector をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'Biostrings'

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

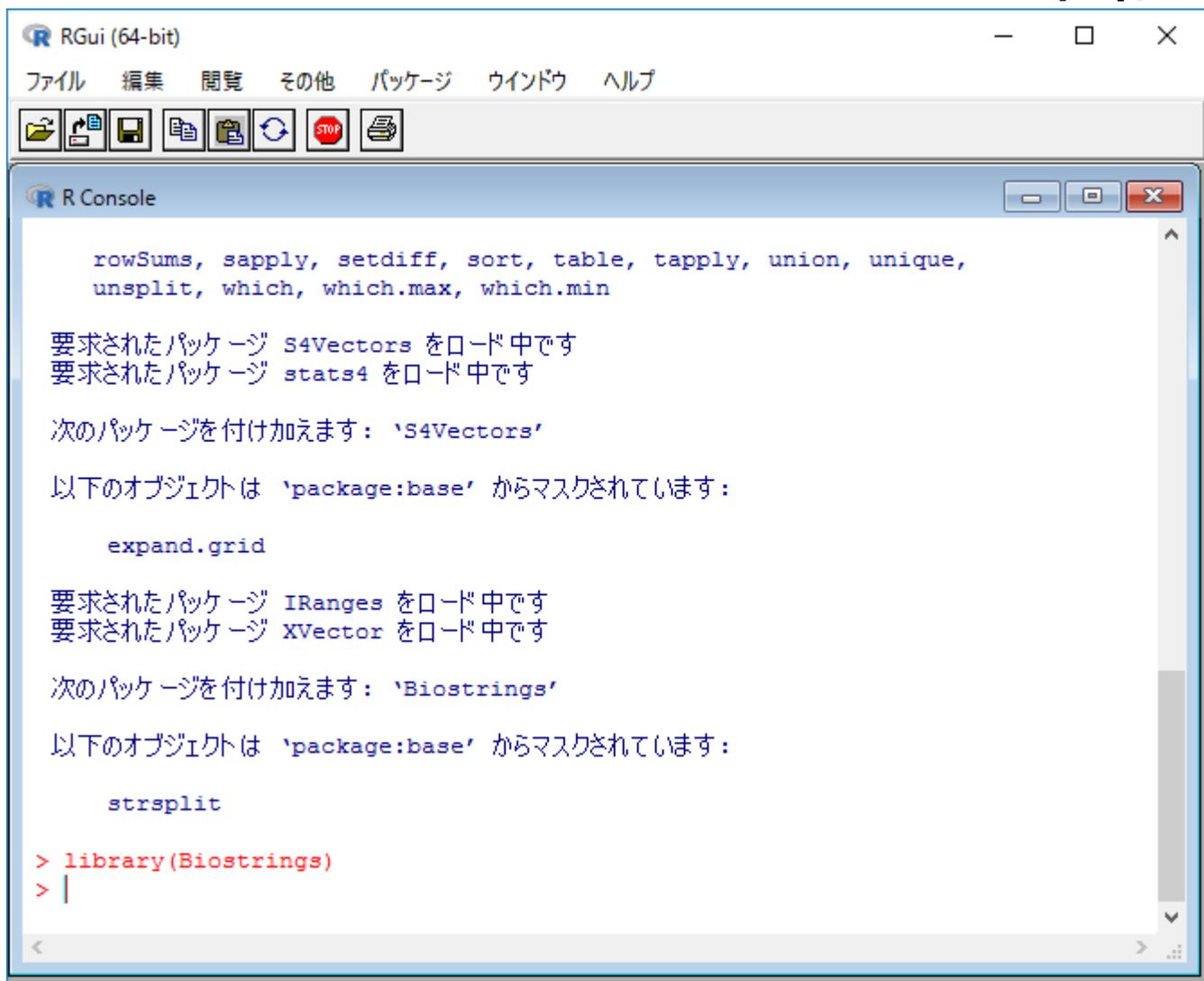
  strsplit

> library(Biostrings)|
```



パッケージインストール確認

もう一度リターンキーを押して実行すると、何のメッセージも表示されなくなる。これもエラーが出ていないのでOK

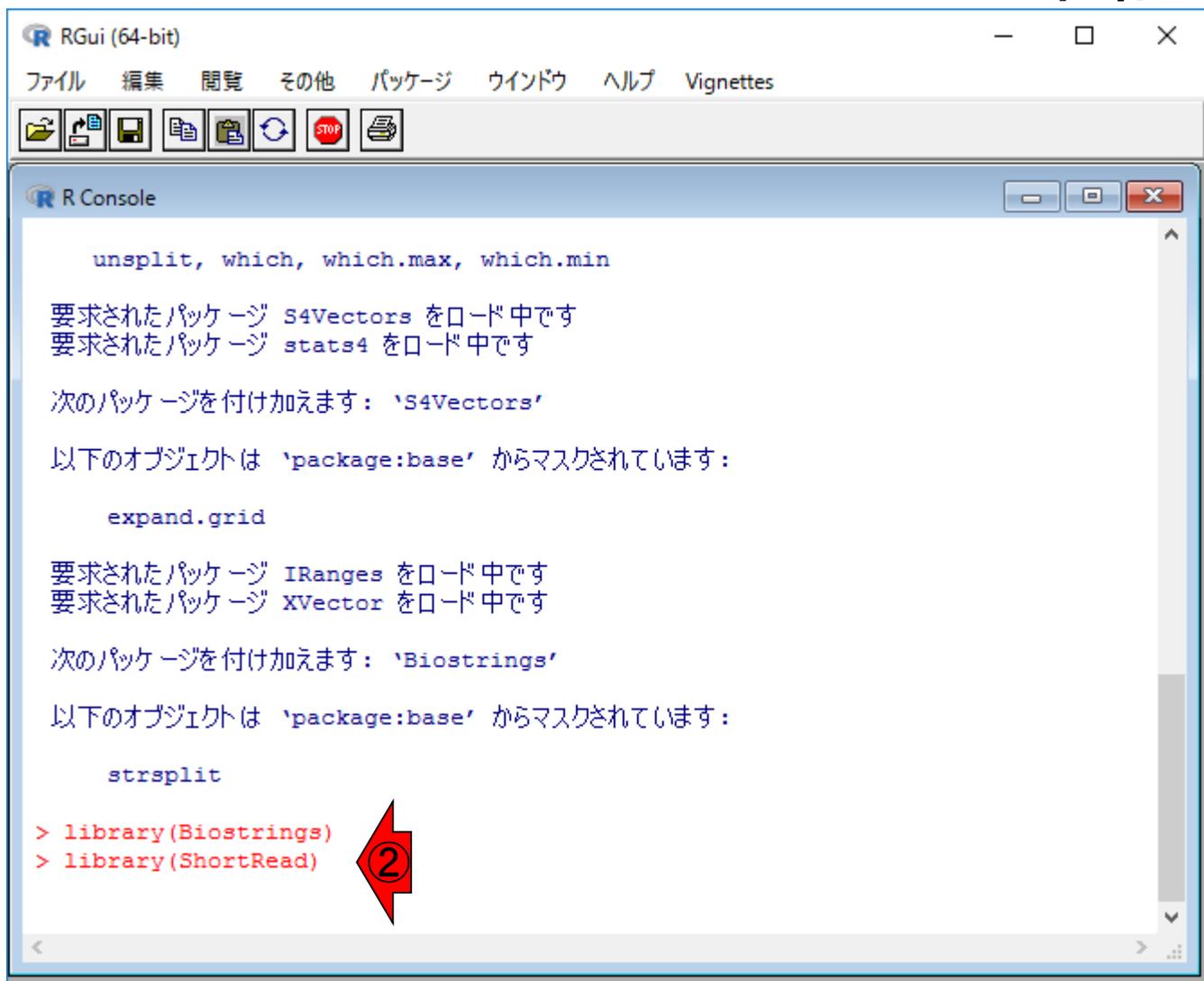


The screenshot shows the RGui (64-bit) interface. The R Console window displays the following text:

```
rowSums, sapply, setdiff, sort, table, tapply, union, unique,  
unsplit, which, which.max, which.min  
  
要求されたパッケージ S4Vectors をロード中です  
要求されたパッケージ stats4 をロード中です  
  
次のパッケージを付け加えます: 'S4Vectors'  
  
以下のオブジェクトは 'package:base' からマスクされています:  
  
  expand.grid  
  
要求されたパッケージ IRanges をロード中です  
要求されたパッケージ XVector をロード中です  
  
次のパッケージを付け加えます: 'Biostrings'  
  
以下のオブジェクトは 'package:base' からマスクされています:  
  
  strsplit  
  
> library(Biostrings)  
> |
```

パッケージインストール確認

キーボードの上矢印キーなどを利用して、次に①ShortReadパッケージの確認を行う



```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ Vignettes

R Console

  unsplit, which, which.max, which.min

要求されたパッケージ S4Vectors をロード中です
要求されたパッケージ stats4 をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'S4Vectors'

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

  expand.grid

要求されたパッケージ IRanges をロード中です
要求されたパッケージ XVector をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'Biostrings'

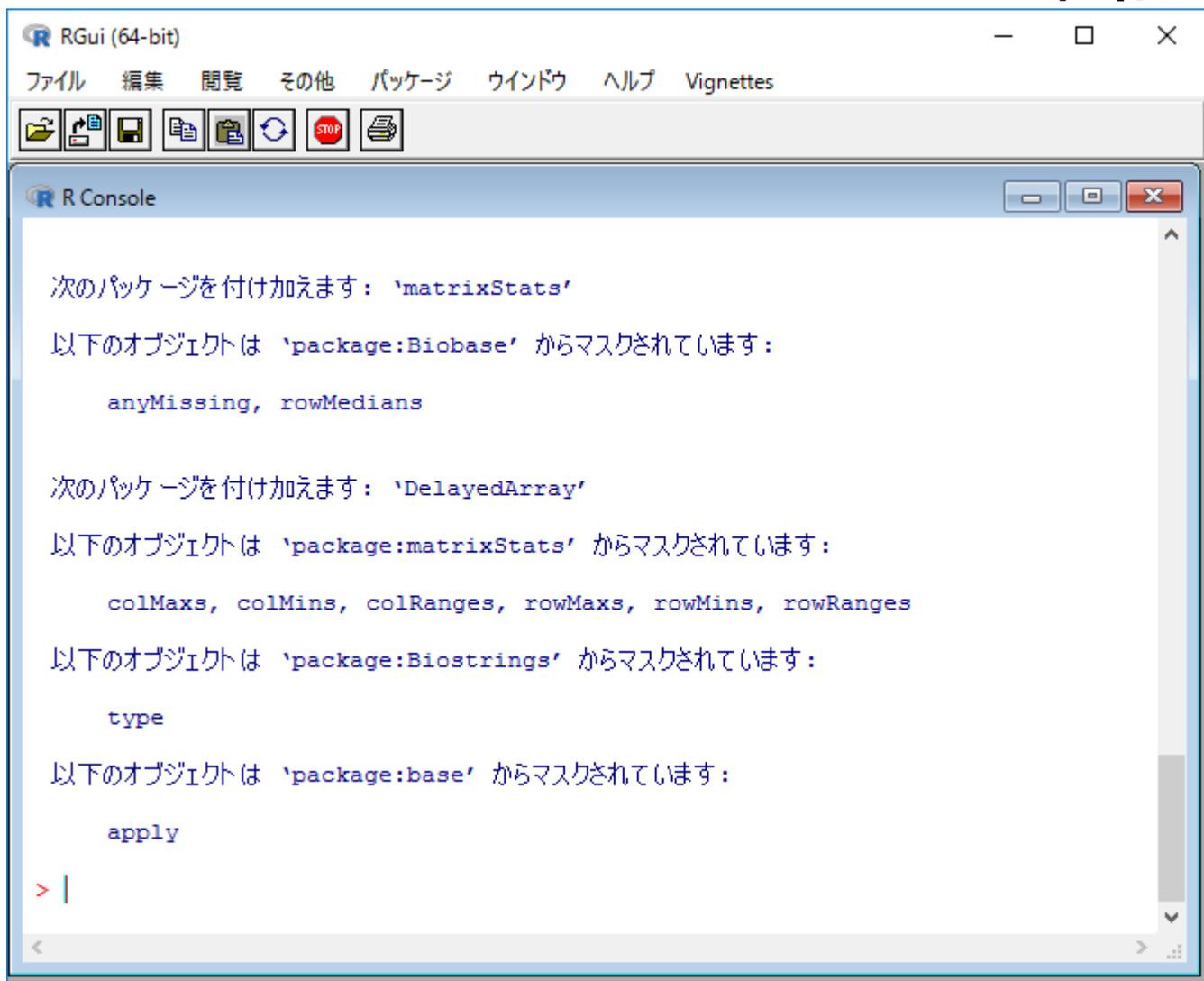
以下のオブジェクトは 'package:base' からマスクされています:

  strsplit

> library(Biostrings)
> library(ShortRead)
```

パッケージインストール確認

このときは、こんな感じになりました。Rのバージョンによって、多少見栄えは変わります



```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ Vignettes

R Console

次のパッケージを付け加えます: 'matrixStats'
以下のオブジェクトは 'package:Biobase' からマスクされています:
  anyMissing, rowMedians

次のパッケージを付け加えます: 'DelayedArray'
以下のオブジェクトは 'package:matrixStats' からマスクされています:
  colMaxs, colMins, colRanges, rowMaxs, rowMins, rowRanges

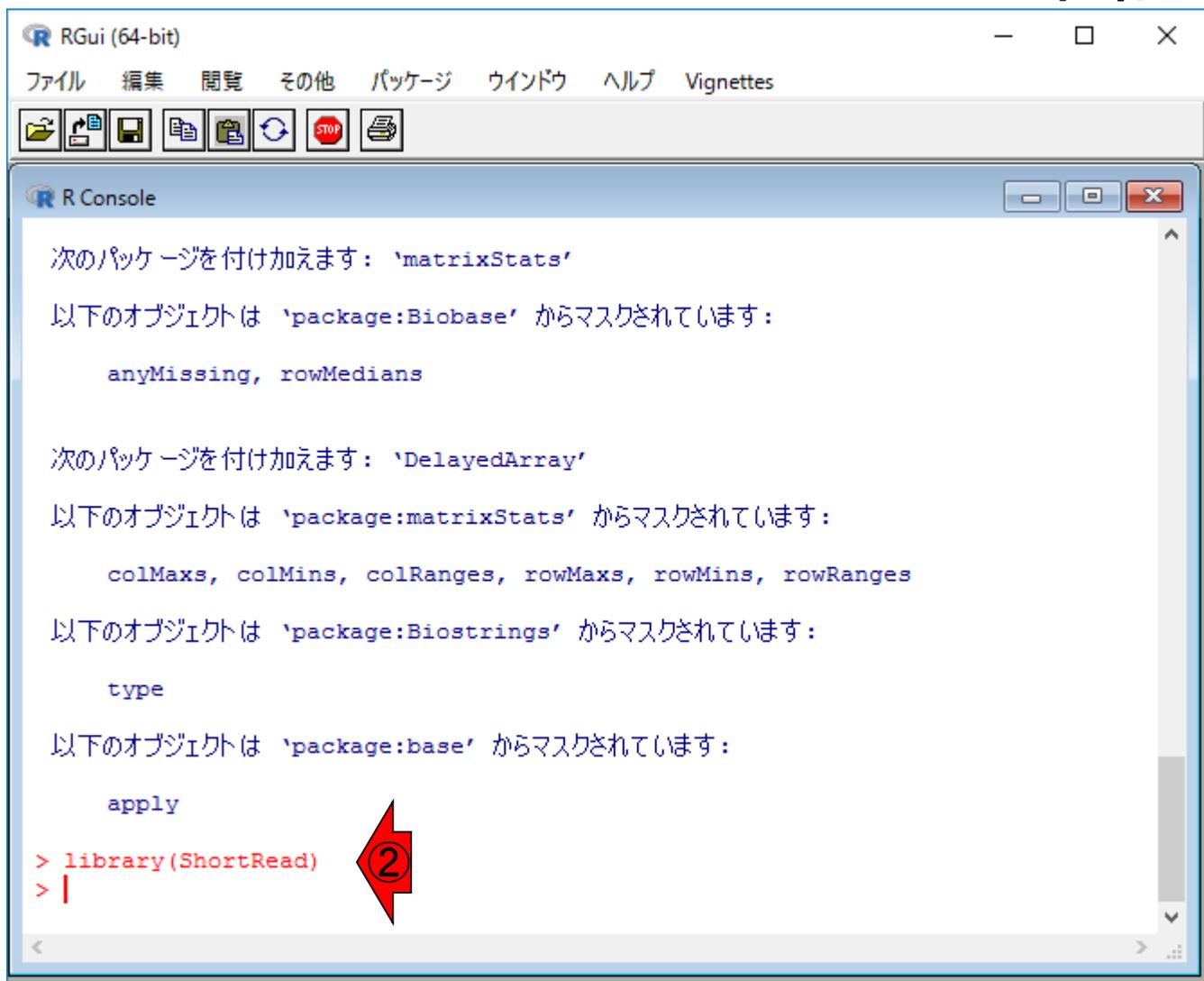
以下のオブジェクトは 'package:Biostrings' からマスクされています:
  type

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

> |
```

パッケージインストール確認

キーボードの上矢印キーなどを利用して、①さらにもう一度実行。何もメッセージが表示されず、エラーが出ていないのでOK



```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ Vignettes

R Console
次のパッケージを付け加えます: 'matrixStats'
以下のオブジェクトは 'package:Biobase' からマスクされています:
  anyMissing, rowMedians
次のパッケージを付け加えます: 'DelayedArray'
以下のオブジェクトは 'package:matrixStats' からマスクされています:
  colMaxs, colMins, colRanges, rowMaxs, rowMins, rowRanges
以下のオブジェクトは 'package:Biostrings' からマスクされています:
  type
以下のオブジェクトは 'package:base' からマスクされています:
  apply
> library(ShortRead)
> |
```

パッケージインストール確認

RGui (64-bit)

ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ Vignettes

R Console

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

```
colMaxs, colMins, colRanges, rowMaxs, rowMins, rowRanges
```

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

```
type
```

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

```
apply
```

```
> library(ShortRead)
> library(Shortread)
library(Shortread) でエラー:
'Shortread' という名前のパッケージはありません
> library(shortread)
library(shortread) でエラー:
'shortread' という名前のパッケージはありません
> library(shortRead)
library(shortRead) でエラー:
'shortRead' という名前のパッケージはありません
> |
```

パッケージインストール確認

最後に①TCCパッケージのインストール確認。これはうまくいった場合の成功例

```
R Console
> library(TCC)
要求されたパッケージ DESeq をロード中です
要求されたパッケージ locfit をロード中です
locfit 1.5-9.1 2013-03-22

次のパッケージを付け加えます: 'locfit'

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

要求されたパッケージ lattice をロード中です
Welcome to 'DESeq'. For improved performance, please consider migrating
要求されたパッケージ DESeq2 をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'DESeq2'

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

要求されたパッケージ edgeR をロード中です
要求されたパッケージ limma をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'limma'
```

```
R Console
次のパッケージを付け加えます: 'limma'

以下のオブジェクトは 'package:DESeq2' からマスクされています:
  plotMA

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

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

要求されたパッケージ baySeq をロード中です
要求されたパッケージ abind をロード中です
要求されたパッケージ ROC をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'TCC'

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

> library(TCC)
> |
```

エラー遭遇例と対処法

これは①TCCパッケージが(内部的に用いている②DESeq2パッケージが)要求している「③RcppArmadilloパッケージがないからだめ!」と文句を言われている例です

```
R Console
> library(TCC)
要求されたパッケージ DESeq をロード中です
要求されたパッケージ BiocGenerics をロード中です
要求されたパッケージ parallel をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'BiocGenerics'

The following objects are masked from 'package:
clusterApply, clusterApplyLB, clusterCall
clusterExport, clusterMap, parApply, parC
parLapplyLB, parRapply, parSapply, parSap

The following object is masked from 'package:
xtabs

The following objects are masked from 'packag
anyDuplicated, append, as.data.frame, as.
colnames, do.call, duplicated, eval, eval
intersect, is.unsorted, lapply, Map, mapp
paste, pmax, pmax.int, pmin, pmin.int, Po
Reduce, rep.int, rownames, sapply, setdif
union, unique, unlist, unsplit

要求されたパッケージ Biobase をロード中です
Welcome to Bioconductor

Vignettes contain introductory material;
```

```
R Console

colnames, do.call, duplicated, eval, evalq, Filter, Find, get,
intersect, is.unsorted, lapply, Map, mapply, match, mget, order,
paste, pmax, pmax.int, pmin, pmin.int, Position, rank, rbind,
Reduce, rep.int, rownames, sapply, setdiff, sort, table, tapply,
union, unique, unlist, unsplit

要求されたパッケージ Biobase をロード中です
Welcome to Bioconductor

Vignettes contain introductory material; view with
'browseVignettes()'. To cite Bioconductor, see
'citation("Biobase")', and for packages 'citation("pkgname)".

要求されたパッケージ locfit をロード中です
locfit 1.5-9.1 2013-03-22
要求されたパッケージ lattice をロード中です
Welcome to 'DESeq'. For improved performance, usability and
functionality, please consider migrating to 'DESeq2'.

要求されたパッケージ DESeq2 をロード中です
要求されたパッケージ S4Vectors をロード中です
要求されたパッケージ stats4 をロード中です
要求されたパッケージ IRanges をロード中です
要求されたパッケージ GenomicRanges をロード中です
要求されたパッケージ GenomicFeatures をロード中です
要求されたパッケージ Rcpp をロード中です
エラー: パッケージ 'RcppArmadillo' が 'DESeq2' によって要求されました $
> library(TCC)
要求されたパッケージ DESeq2 をロード中です
エラー: パッケージ 'RcppArmadillo' が 'DESeq2' によって要求されました $
> |
```



エラー遭遇例と対処法

基本的な対処法は、文句を言われたパッケージのみ、①個別にインストールすることです

(Rで)塩基配列解析

～NGS、RNA-seq、ゲノム、トランスクリプトーム、正規化、発現変動、統計、モデル、バイオインフォマティクス～
(last modified 2015/04/03, since 2010)

What's new?

- このウェブページは[インストール | Rパッケージ | 個別](#)についての推奨手順 ([Windows2015.04.03版](#)と[Macintosh2015.04.03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](#)([Windows2015.04.03版](#)と[Macintosh2015.04.03版](#))で自習してください。本ウェブページを体系的にまとめた書籍もあります。(2015/04/03) **NEW**
- 私の所属する[アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム](#)では、平成27年度もバイオインフォ関連講義を行います。例年東大以外の企業の方、研究員、学生が2-3割程度受講しております。受講ガイダンスは4月6日 17:15- 於東大農です。(2015/03/31) **NEW**
- R本体およびパッケージのインストール手順のところを更新しました。詳細は[インストール | Rパッケージ | 個別](#)をごらんください。(2015/04/02) **NEW**
- [MBCluster.Seq](#)パッケージを用いた遺伝子間クラスタリングの項目を更新しました。(2015/03/31) **NEW**
- [参考資料\(講義、講習会、本など\)](#)の項目を更新しました。(2015/03/31) **NEW**

インストール | Rパッケージ | 個別 **NEW**

多くのBSgenome系パッケージや TxDb系のパッケージは、「ほぼ全て」の手順ではインストールされません。理由は、BSgenomeはゲノム配列情報のパッケージなので、ヒトゲノムの様々なバージョン、マウスゲノム、ラットゲノムなどを全部入れると大変なことになるからです。それでもピンポイントで必要に迫られる局面もあると思いますので、ここでは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。

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
source("http://bioconductor.org/biocLite.R")#おまじない
biocLite(param, suppressUpdates=TRUE) #おまじない
```

- はじめに (last modified 2015/03/31) **NEW**
- 参考資料(講義、講習会、本など) (last modified 2015/03/09) **NEW**
- 過去のお知らせ (last modified 2015/03/31) **NEW**
- インストール | Rについて (last modified 2015/04/03) **NEW**
- インストール | R本体 | 最新版 | Win用 (last modified 2015/04/03) **NEW**
- インストール | R本体 | 最新版 | Mac用 (last modified 2015/04/03) **NEW**
- インストール | R本体 | 過去版 | Win用 (last modified 2015/04/03) **NEW**
- インストール | R本体 | 過去版 | Mac用 (last modified 2015/04/03) **NEW**
- インストール | Rパッケージ | ほぼ全て(20GB以上?) (last modified 2015/03/31) **NEW**
- インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ(数GB?) (last modified 2015/03/31) **NEW**
- インストール | Rパッケージ | ①必要最小限(数GB?) (last modified 2015/03/31) **NEW**
- インストール | Rパッケージ | 個別 (last modified 2015/03/23) **NEW**
- (削除予定)Rのインストールと起動 (last modified 2015/04/02) **NEW**

エラー遭遇例と対処法

インストール | Rパッケージ | 個別 **NEW**

多くの [BSgenome](#)系パッケージや [TxDb](#)系のパッケージは、「まぼ全て」の手順ではインストールされません。理由は、[BSgenome](#)はゲノム配列情報のパッケージなので、ヒトゲノムの様々なバージョン、マウスゲノム、ラットゲノムなどを全部入れると大変なことになるからです。それでもピンポイントで必要に迫られる局面もあると思いますので、ここでは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。

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
source("http://bioconductor.org/biocLite.R")#おまじない
biocLite(param, suppressUpdates=TRUE) #おまじない
```



ここでの目的は、[RcppArmadillo](#)パッケージの個別インストール。①既存のRコードをテンプレートとして利用すべくコピー。②任意のテキストエディタにペーストして、③パッケージ名部分のみ変更しコピー



```
param <- "RcppArmadillo"#パッケージ名を指定+
+
#本番+
source("http://bioconductor.org/biocLite.R")#おまじない
biocLite(param, suppressUpdates=TRUE) #おまじない+
```



エラー遭遇例と対処法

インストール | Rパッケージ | 個別 NEW

多くの [BSgenome](#)系パッケージや [TxDb](#)系のパッケージは、「[1]順番全ての手順でインストールされる」ことが多い。理由は、BSgenomeはゲノム配列情報のパッケージなので、ゲノム、ラットゲノムなどを全部入れると大変なことになるから。れる局面もあると思いますので、ここではRのパッケージを個

1. ゼブラフィッシュゲノムのパッケージ([BSgenome.Drerio.UCSC](#))

400MB程度あります…。

```
param <- "BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7"#パッ
```

#本番

```
source("http://bioconductor.org/biocLite.R")
biocLite(param, suppressUpdates=TRUE) #おまじない
```

R Console

```
要求されたパッケージ DESeq2 をロード中です
要求されたパッケージ S4Vectors をロード中
要求されたパッケージ stats4 をロード中です
要求されたパッケージ IRanges をロード中です
要求されたパッケージ GenomicRanges をロード中です
要求されたパッケージ GenomeInfoDb をロード中です
要求されたパッケージ Rcpp をロード中です
エラー: パッケージ 'RcppArmadillo' が 'DESeq2' によって要求されました $
```

library(TCC)

```
要求されたパッケージ DESeq2 をロード中です
エラー: パッケージ 'RcppArmadillo' が 'DESeq2' によって要求されました $
```

```
> param <- "RcppArmadillo"#パッケージ名を指定
>
> #本番
> source("http://bioconductor.org/biocLite.R") #おまじない
Bioconductor version 3.0 (BiocInstaller 1.16.2), ?biocLite for help
> biocLite(param, suppressUpdates=TRUE) #おまじない
BioC_mirror: http://bioconductor.org
Using Bioconductor version 3.0 (BiocInstaller 1.16.2), R version 3.1.3.
Installing package(s) 'RcppArmadillo'
URL 'http://cran.fhcrc.org/bin/windows/contrib/3.1/RcppArmadillo_0.4.650.1.9'
Content type 'application/zip' length 1594353 bytes (1.5 MB)
開かれた URL
downloaded 1.5 MB

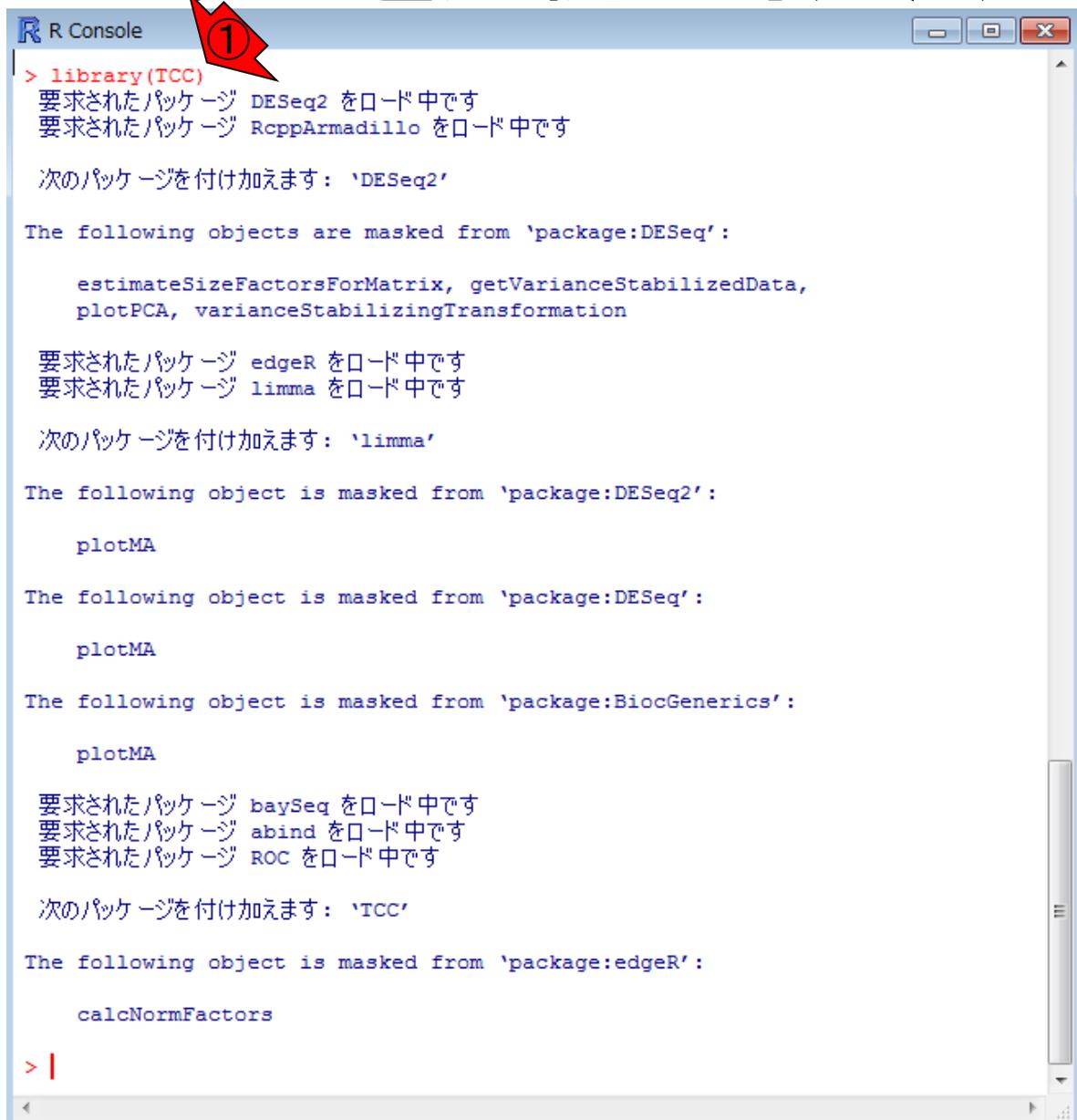
package 'RcppArmadillo' successfully unpacked and MD5 sums checked

The downloaded binary packages are in
  C:\Users\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpCS5b7D\downloaded_packages
> |
```

ここでの目的は、RcppArmadilloパッケージの個別インストール。①既存のRコードをテンプレートとして利用すべくコピー。②任意のテキストエディタにペーストして、③パッケージ名部分のみ変更しコピー。④Rコンソール画面でペースト。

エラー遭遇例と対処法

もう一度①「library(TCC)」と打ち込んで確認。さきほどこけたRcppArmadilloのところをつまづくことなくTCCパッケージのロードに成功していることがわかる



```
R Console
> library(TCC)
要求されたパッケージ DESeq2 をロード中です
要求されたパッケージ RcppArmadillo をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'DESeq2'

The following objects are masked from 'package:DESeq':

  estimateSizeFactorsForMatrix, getVarianceStabilizedData,
  plotPCA, varianceStabilizingTransformation

要求されたパッケージ edgeR をロード中です
要求されたパッケージ limma をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'limma'

The following object is masked from 'package:DESeq2':

  plotMA

The following object is masked from 'package:DESeq':

  plotMA

The following object is masked from 'package:BiocGenerics':

  plotMA

要求されたパッケージ baySeq をロード中です
要求されたパッケージ abind をロード中です
要求されたパッケージ ROC をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'TCC'

The following object is masked from 'package:edgeR':

  calcNormFactors

> |
```