



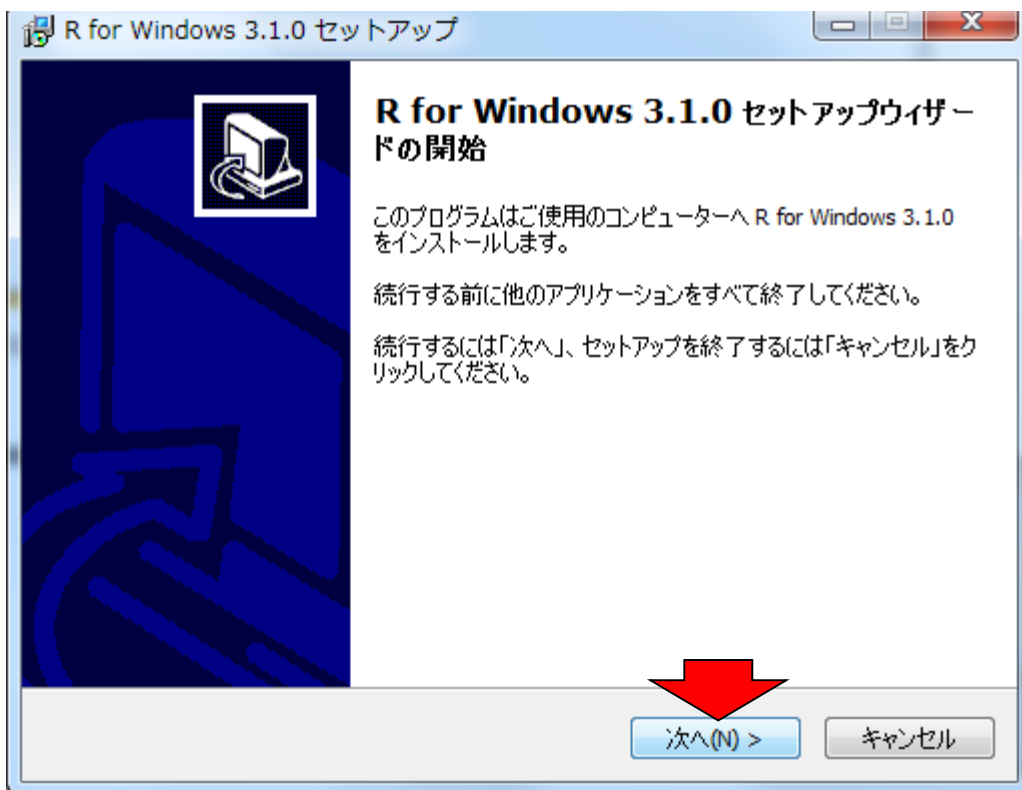
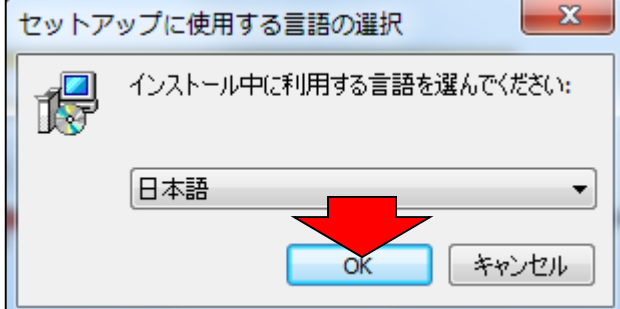


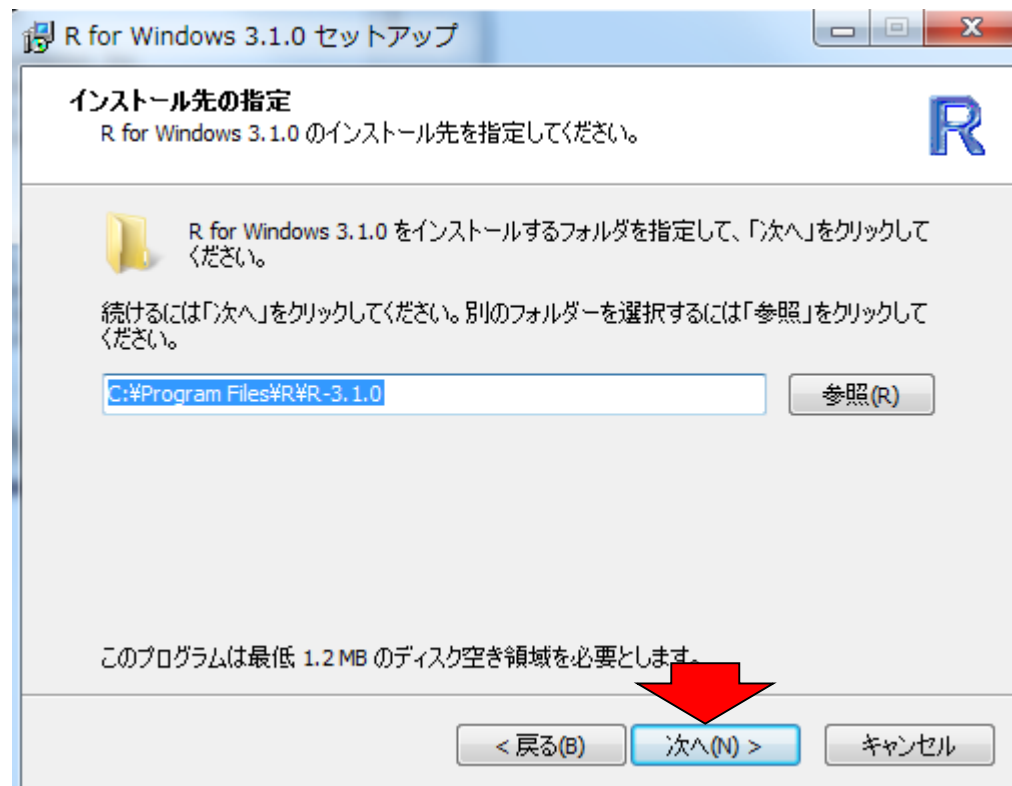
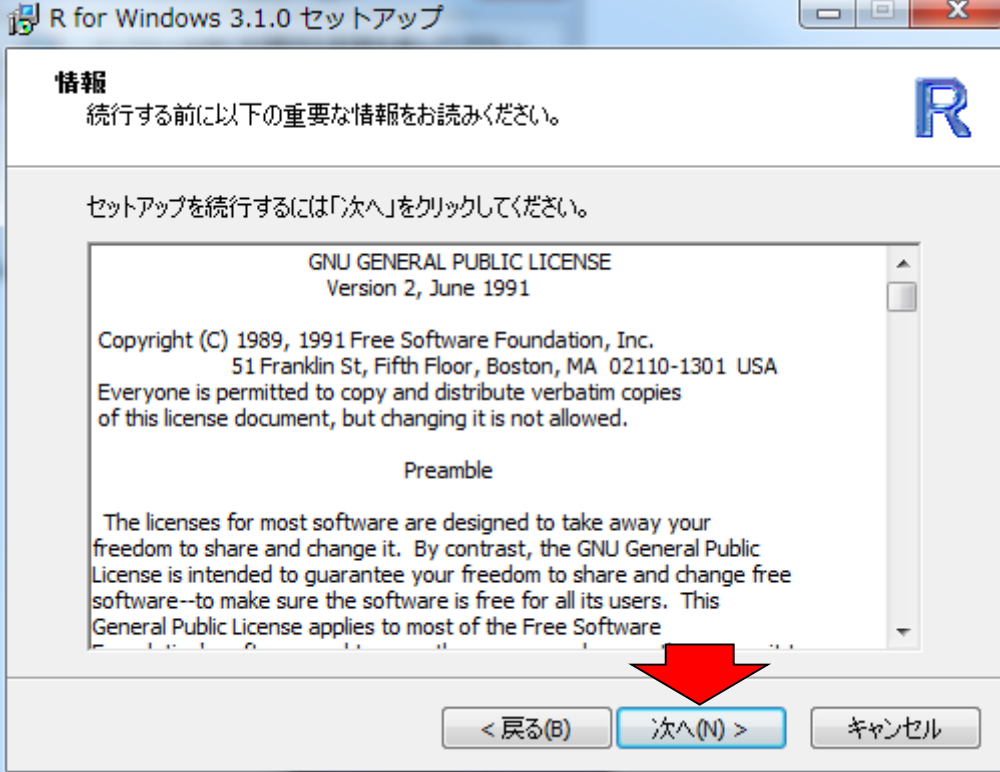
cran.r-project.org から R-3.1.0-win.exe (53.6 MB) を実行または保存しますか? ×

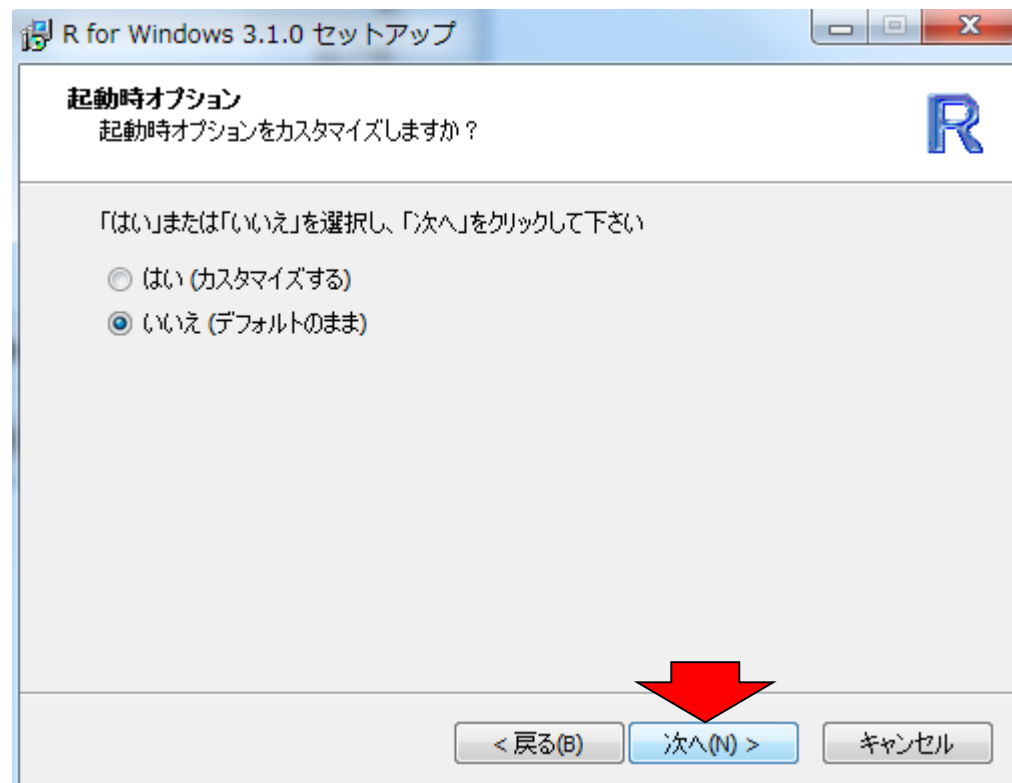
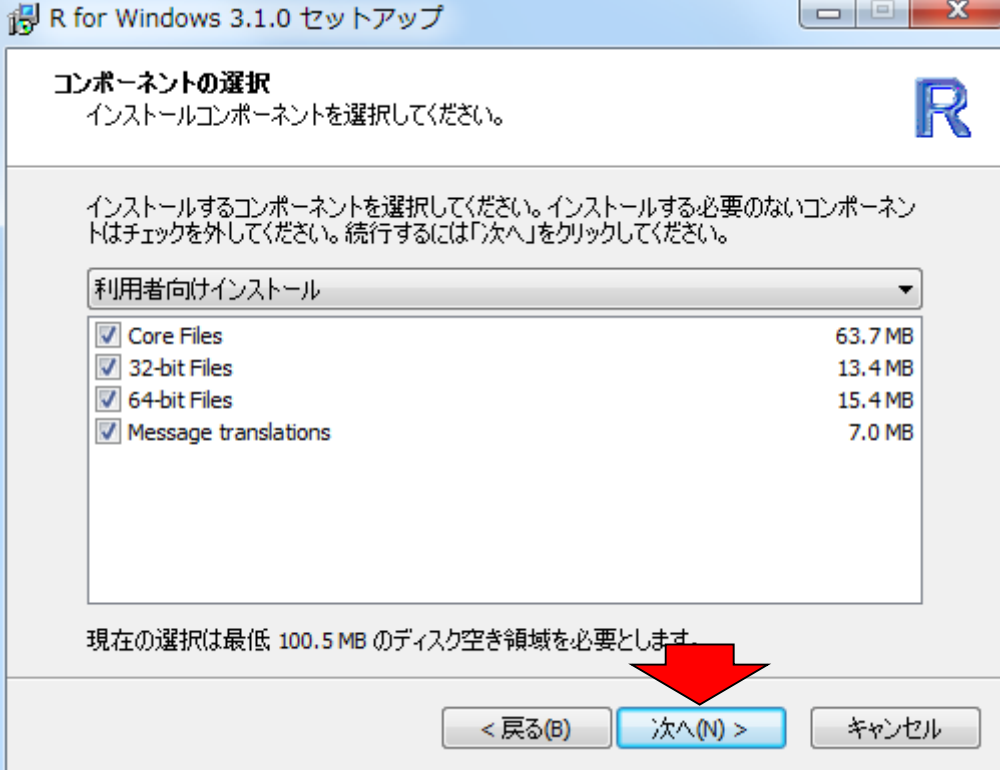
実行(R)

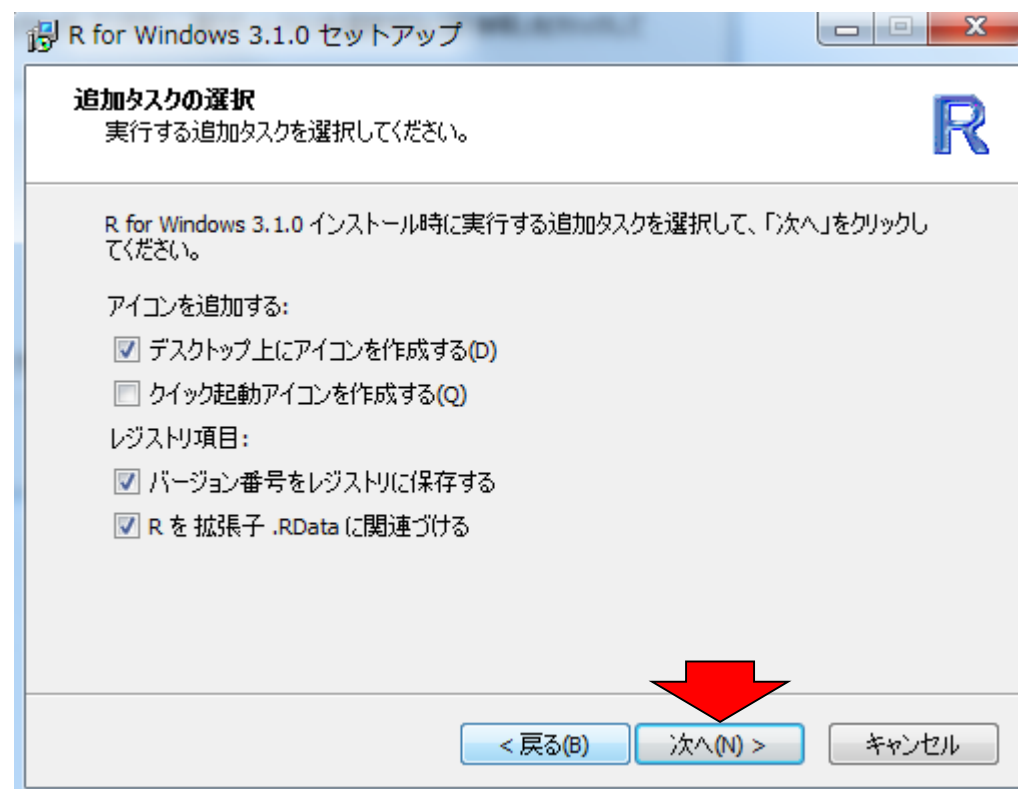
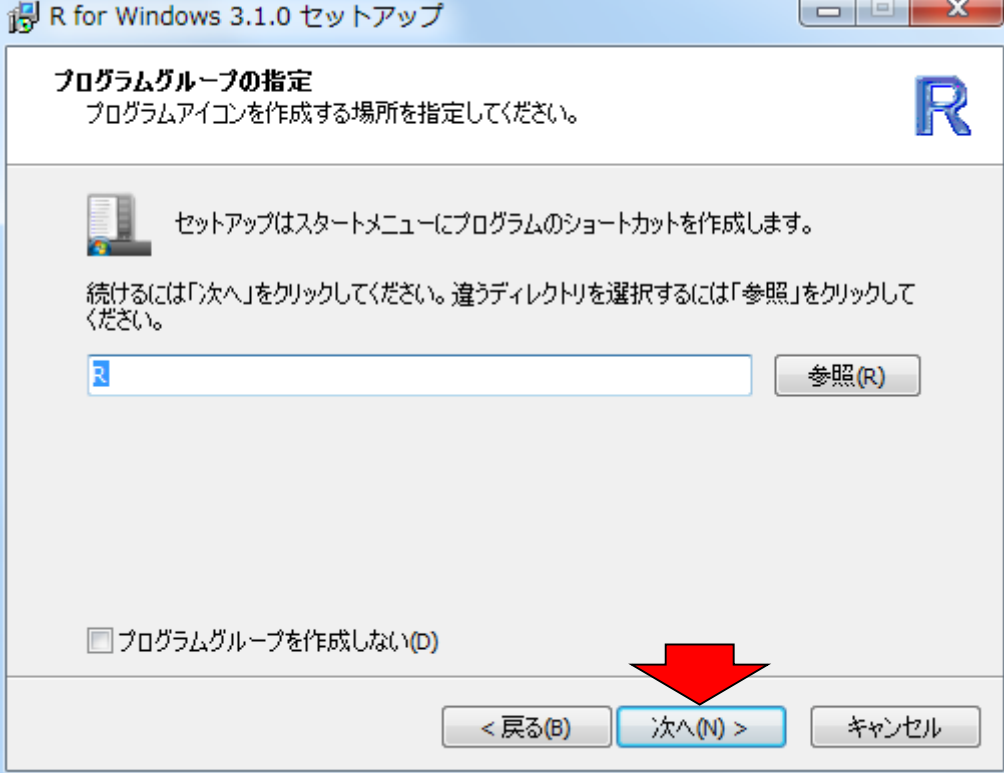
保存(S) ▼

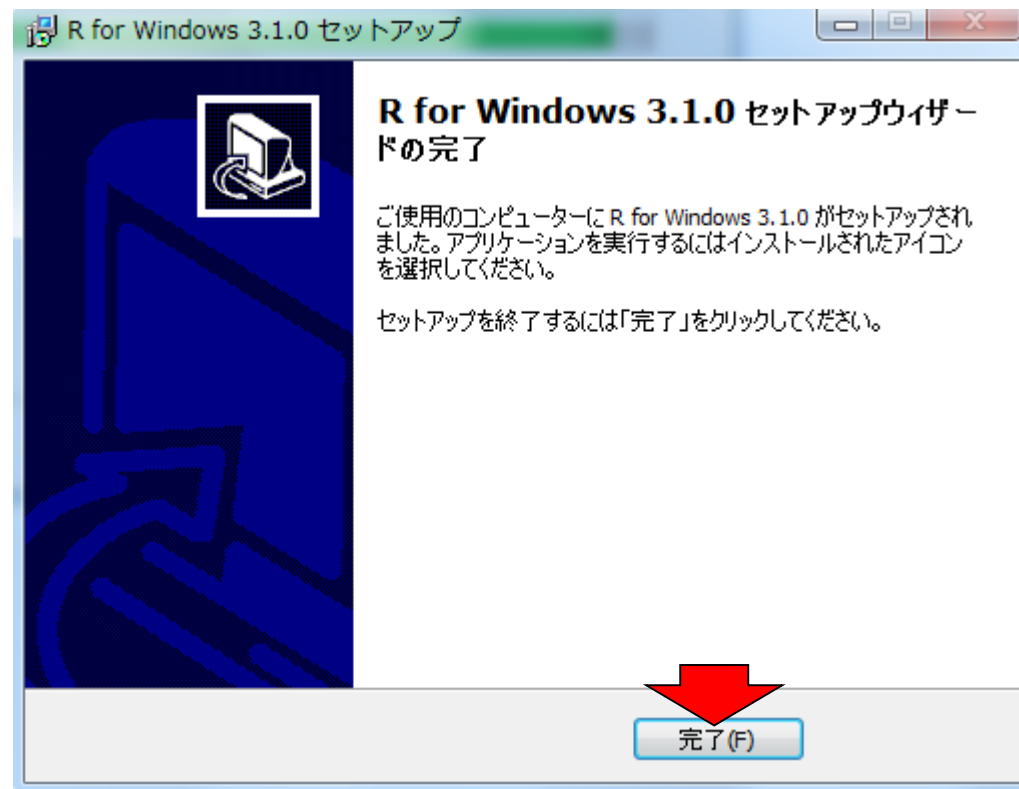
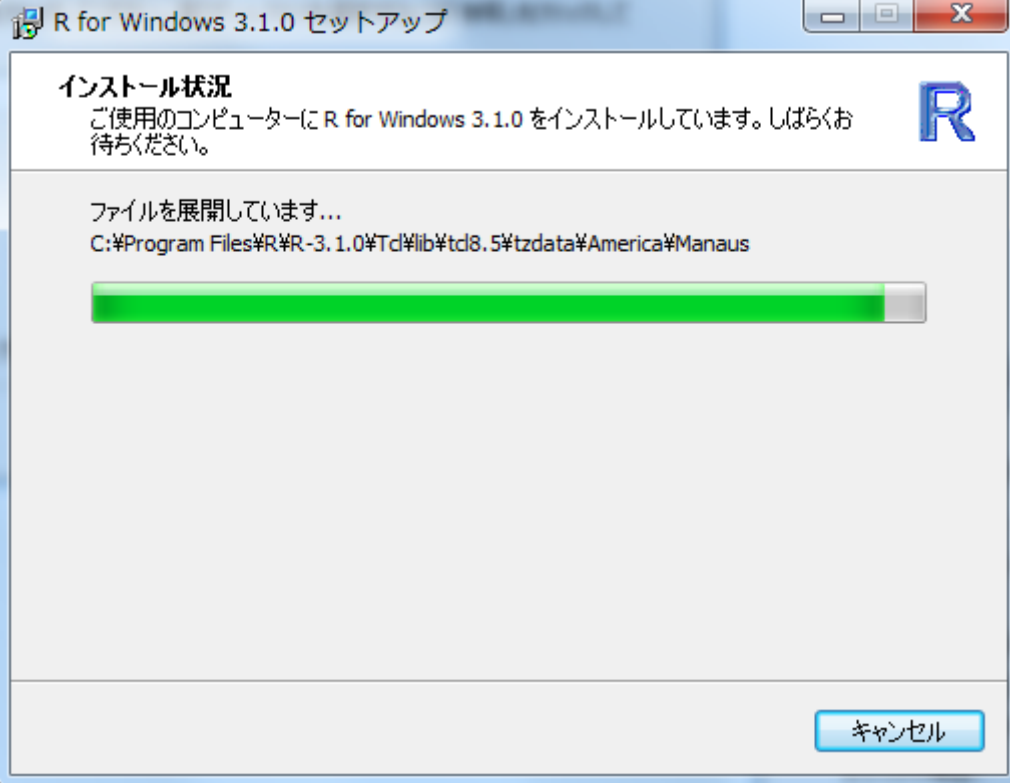
キャンセル(C)



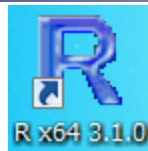




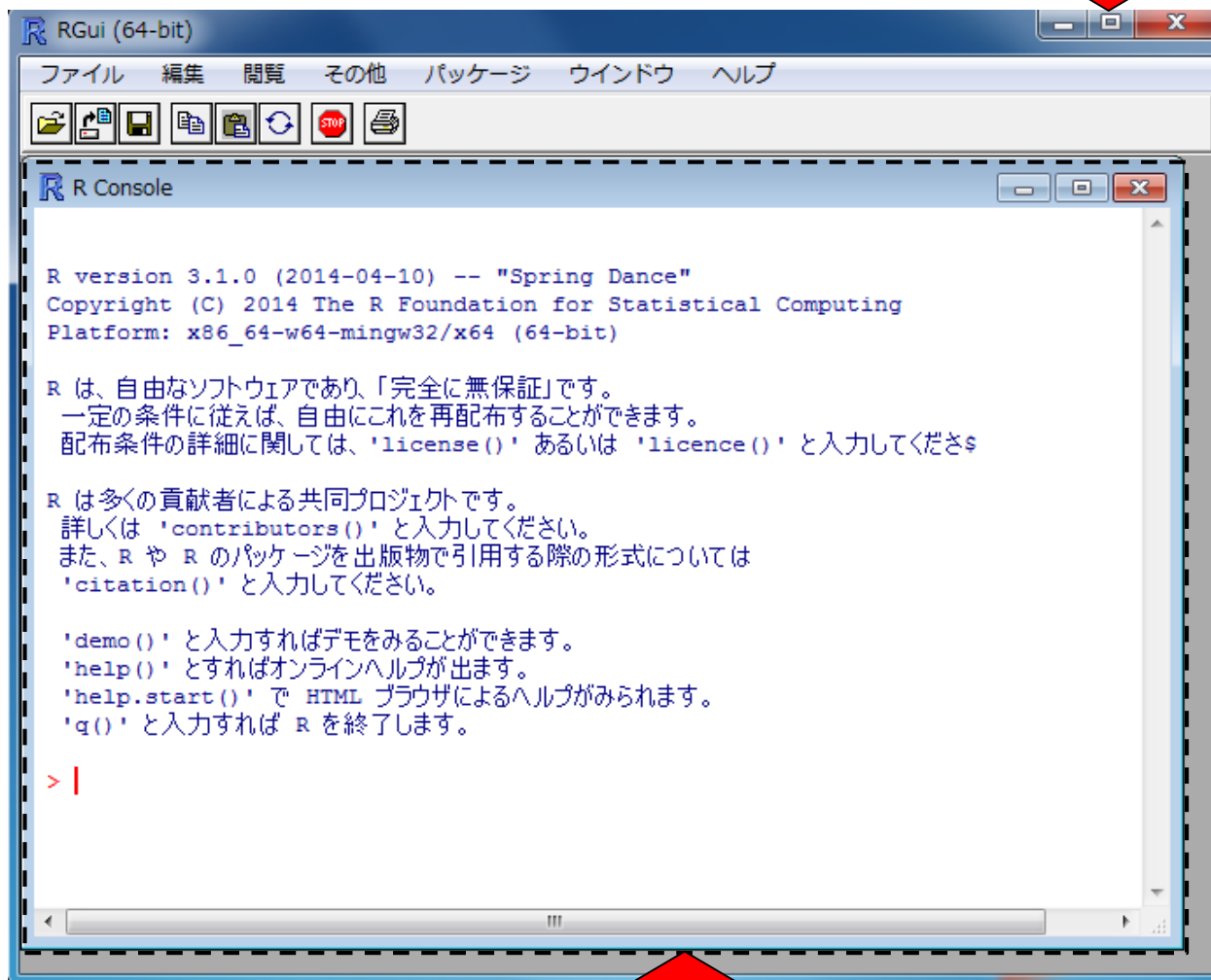




# Rの起動



起動直後は画面いっぱいになるので…



黒点線で囲われた部分が「Rコンソール画面」



2013年7月以降のリニューアルで、コードのコピーがやりやすくなっています。**CTRLとALT**キーを押しながらコードの枠内で**左クリック**すると、全選択できます。

## Rのインストールと起動 **NEW**

基本的には[こちら](#)または[こちら](#)をご覧ください。

よく分からない人でWindowsユーザーの方は以下を参考にしてください。2014年4月22日に作成したより詳細なインストール手順のPDFは[こちら](#)。

### 1. Windows release版のインストールの場合:

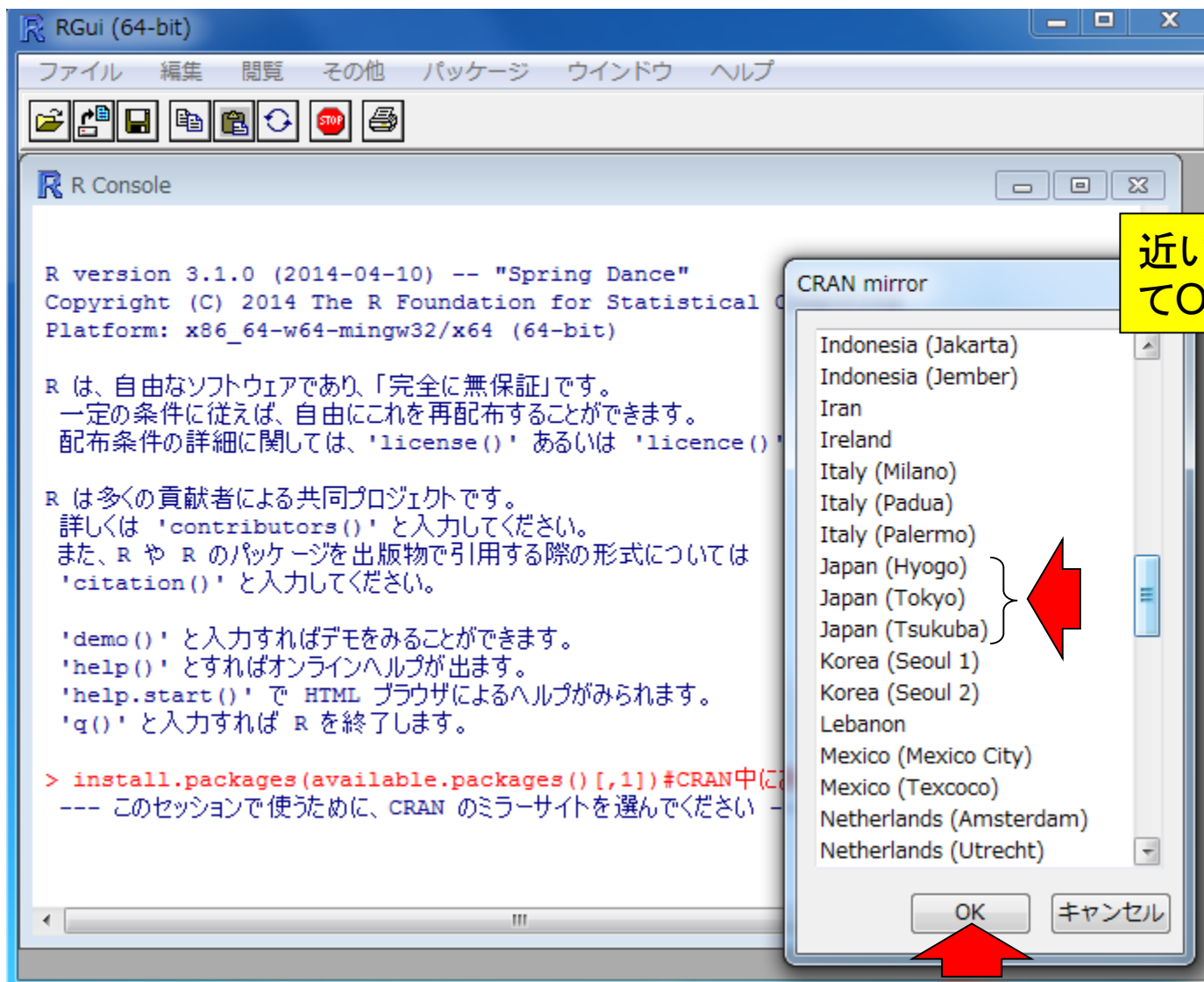
1. [Rのインストーラ](#)を「実行」
2. 聞かれるがままに「次へ」などを押してとにかくインストールを完了させる
3. **Windows Vista**の人は(パッケージのインストール中に書き込み権限に関するエラーが出るのを避けるために)「コントロールパネル」-「ユーザーアカウント」-「ユーザーアカウント制御の有効化または無効化」で、「ユーザーアカウント制御(UAC)を使ってコンピュータの保護に役立たせる」の**チェックをあらかじめ外しておくことを強くお勧め**します。
4. インストールが無事完了したら、デスクトップに出現する「R3.XY(32 bitの場合; XやY中の数値はバージョンによって異なります)」または「R x64 3.XY(64 bitの場合)」アイコンをダブルクリックして起動
5. 以下を、「R コンソール画面」上でコピー&ペーストする。10GB程度のディスク容量を要しますが一番お手軽です。(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)

```
install.packages(available.packages()[,1], dependencies=TRUE)#CRAN中にある全て  
source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")#おまじない  
biocLite(all group()) #Bioconductor中にある全てのパッケージをイ  
biocLite("BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9")#Bioconductor中にあるBSgenome.Athalia
```

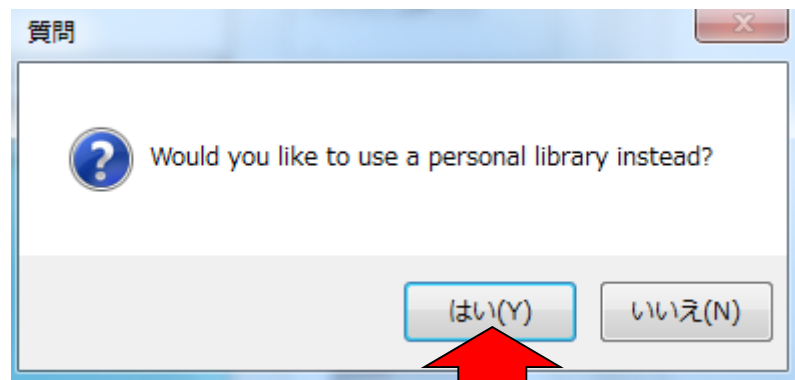
6. 「コントロールパネル」-「デスクトップのカスタマイズ」-「フ

切り取り(T)  
コピー(C)  
貼り付け  
すべて選択(A)  
印刷(I)...  
印刷プレビュー(N)...

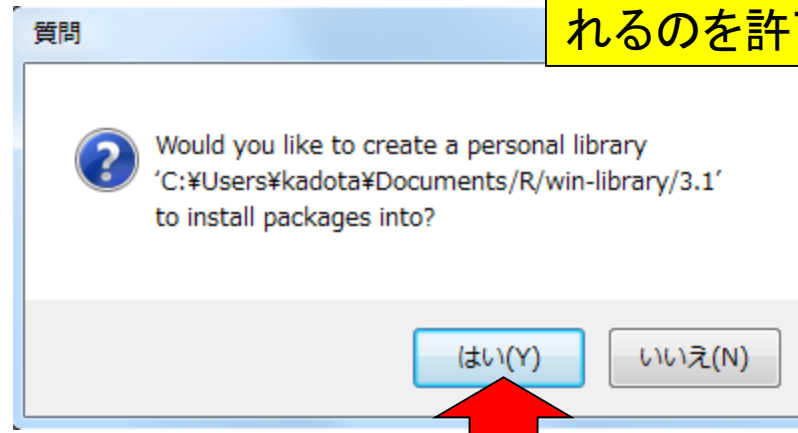




近いところを選択してOKボタンを押す。



C:\Users\kadota\Documents\R/win-library/3.1  
というフォルダ中にパッケージがインストールされるのを許可していることに相当します。



最後のはいを押すと、延々とパッケージのダウンロードとインストールが始まり、東大の有線LANでも数時間はかかります。途中で何か問い合わせきたりもしますが、基本的に言われるがままに全部のパッケージをインストールしておきましょう

```
> biocLite("BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9") #Bioconductor中にあるBSgenome.Ath$
BioC_mirror: http://bioconductor.org
Using Bioconductor version 2.14 (BiocInstaller 1.14.1), R version 3.1.0.
Installing package(s) 'BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9'
  URL 'http://bioconductor.org/packages/2.14/data/annotation/bin/windows/cont$
Content type 'application/zip' length 37765491 bytes (36.0 Mb)
開かれた URL
downloaded 36.0 Mb

The downloaded binary packages are in
      C:\Users\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpodVCoQ\downloaded_packages
Old packages: 'Rmpi'
Update all/some/none? [a/s/n]: n
> |
```

一番下の">"のような入力  
待ち状態になれば終了です

## Rのインストールと起動 NEW

基本的には[こちら](#)または[こちら](#)をご覧ください。

よく分からない人でWindowsユーザーの方は以下を参考にしてください。2014年4月22日に作成したより詳細なインストール手順のPDFは[こちら](#)。

### 1. Windows release版のインストールの場合:

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. **Windows Vistaの人**は(パッケージのインストール中に書き込み権限に関するエラーが出るのを避けるために)「コントロールパネル」-「ユーザーアカウント」-「ユーザーアカウント制御の有効化または無効化」で、「ユーザーアカウント制御(UAC)を使ってコンピュータの保護に役立たせる」の**チェックをあらかじめ外しておくことを強くお勧め**します。
4. インストールが無事完了したら、デスクトップに出現する「R3.XY(32 bitの場合; XやY中の数値はバージョンによって異なります)」または「R x64 3.XY(64 bitの場合)」アイコンをダブルクリックして起動
5. 以下を、「R コンソール画面上」でコピー&ペーストする。10GB程度のディスク容量を要しますが一番お手軽です。(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)

```
install.packages(available.packages()[,1], dependencies=TRUE)#CRAN中にある全て
source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")#おまじない
biocLite(all_group()) #Bioconductor中にある全てのパッケージをイ
biocLite("BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9")#Bioconductor中にあるBSgenome.Athalia
n
```

6. 「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。

[トップページ](#)

Outlook 2013

EmEditor

PowerPoint 2013

Word 2013

R x64 3.0.3

R x64 3.1.0

WinSCP

Excel 2013

はじめに

R i386 3.1.0

すべてのプログラム

プログラムとファイルの検索

シャットダウン

kadota

ドキュメント

ピクチャ

ミュージック

コンピューター

コントロール パネル

デバイスとプリンター

既定のプログラム

ヘルプとサポート

設定を変更し

コントロール パネル

コントロール...

コンピューターの設定を調整します

表示方法: カテゴリ

-  システムとセキュリティ  
コンピューターの状態を確認  
バックアップの作成  
問題の発見と解決
-  ネットワークとインターネット  
ネットワークの状態とタスクの表示  
ホームグループと共有に関するオプションの選択
-  ハードウェアとサウンド  
デバイスとプリンターの表示  
デバイスの追加  
プロジェクターへの接続  
共通で使うモビリティ設定の調整
-  プログラム  
プログラムのアンインストール
-  ユーザー アカウントと家族のための安全設定  
ユーザー アカウントの追加または削除  
保護者による制限の設定
-  デスクトップのカスタマイズ  
テーマの変更  
デスクトップの背景の変更  
画面の解像度の調整
-  時計、言語、および地域  
キーボードまたは入力方法の変更
-  コンピューターの簡単操作  
設定の提案の表示  
視覚ディスプレイの最適化

コントロールパネル > デスクトップのカスタマイズ

- コントロールパネル ホーム
- システムとセキュリティ
- ネットワークとインターネット
- ハードウェアとサウンド
- プログラム
- ユーザー アカウントと家族のための安全設定
- **デスクトップのカスタマイズ**
  - 時計、言語、および地域
  - コンピューターの簡単操作
- 個人設定
  - テーマの変更 | デスクトップの背景の変更 | ウィンドウ グラス色の変更 | 効果音の変更 | スクリーン セーバーの変更
- ディスプレイ
  - テキストやその他の項目の大きさの変更 | 画面の解像度の調整 | プロジェクターへの接続 | 外部ディスプレイへの接続
- デスクトップ ガジェット
  - ガジェットをデスクトップに追加 | オンラインで追加のガジェットを取得 | ガジェットのアンインストール | Windows によりインストールされたデスクトップ ガジェットの復元
- タスク バーと [スタート] メニュー
  - スタート メニューのカスタマイズ | タスク バーのアイコンのカスタマイズ | スタート メニューの画像の変更
- コンピューターの簡単操作センター
  - 視力制限がある方のための設定 | スクリーン リーダーの使用 | ショートカット キーの有効化 | ハイコントラストの有効化または無効化
- フォルダー オプション
  - シングルクリックまたはダブルクリックの指定 | すべてのファイルとフォルダーを表示
- フォント
  - フォントのプレビュー、削除、表示または非表示 | フォント設定の変更 | ClearType テキストの調整

フォルダー オプション

全般 表示 検索

フォルダーの参照

- 別のフォルダーを開くときに新しいウィンドウを作らない(M)
- フォルダーを開くたびに新しいウィンドウを作る(W)

クリック方法

- ポイントして選択し、シングルクリックで開く(S)
  - ブラウザーのように、アイコン タイトルに下線を付ける(B)
  - ポイントしたときのみアイコン タイトルに下線を付ける(P)
- シングルクリックで選択し、ダブルクリックで開く(D)

ナビゲーション ウィンドウ

- すべてのフォルダーを表示する(F)
- 自動的に現在のフォルダーまで展開する(X)

既定値に戻す(R)

[フォルダー オプションを変更する方法](#)

OK キャンセル 適用(A)



## Rのインストールと起動 NEW

基本的には[こちら](#)または[こちら](#)をご覧ください。  
よく分からない人でWindowsユーザーの方は以下を参考にしてください。2014年4月22日に作成したより詳細なインストール手順のPDFは[こちら](#)。

### 1. Windows release版のインストールの場合:

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. Windows Vistaの人は(パッケージのインストール中に書き込み権限に関するエラーが出るのを避けるために)「コントロールパネル」-「ユーザーアカウント」-「ユーザーアカウント制御の有効化または無効化」で、「ユーザーアカウント制御(UAC)を使ってコンピュータの保護に役立たせる」のチェックをあらかじめ外しておくことを強くお勧めします。
4. インストールが無事完了したら、デスクトップに出現する「R3.X.Y(32 bitの場合; XやY中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)」アイコンをダブルクリックして起動
5. 以下を、「Rコンソール画面」上でコピー&ペーストする。10GB程度のディスク容量を要しますが一番お手軽です。(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)

```
install.packages(available.packages()[,1], dependencies=TRUE)#CRAN中にある全ての  
source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")#おまじない  
biocLite(all_group()) #Bioconductor中にある全てのパッケージをインストール  
biocLite("BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9")#Bioconductor中にあるBSgenome.Athaliana.TAIR9
```

6. 「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。

チェックが外れていればOKです。

## フォルダ オプション

全般 表示 検索

### フォルダの表示

このフォルダに使用している表示方法(詳細表示やアイコンなど)をこの種類のフォルダすべてに適用することができます。



フォルダに適用(L)

フォルダをリセット(R)

### 詳細設定:

- 検索ボックスに自動的に入力する
- 入力した項目をビューで選択する
- ログオン時に以前のフォルダ ウィンドウを表示する
- 暗号化や圧縮された NTFS ファイルをカラーで表示する
- 共有ウィザードを使用する(推奨)
- 空のドライブは [コンピューター] フォルダに表示しない
- 縮小版にファイル アイコンを表示する
- 常にアイコンを表示し、縮小版は表示しない
- 常にメニューを表示する
- 登録されている拡張子は表示しない
- 別のプロセスでフォルダ ウィンドウを開く
- 保護されたオペレーティング システム ファイルを表示しない(推奨)

既定値に戻す(D)

OK

キャンセル

適用(A)

ここまでの作業で、Biostrings, ShortRead, TCC, BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9などの各種パッケージが利用可能になっているはず。左記のように打ち込んでエラーが出ていなければオッケー。

```
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
> library(Biostrings)
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'
以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:parallel') :
  clusterApply, clusterApplyLB, clusterCall, clusterEvalQ,
  clusterExport, clusterMap, parApply, parCapply, parLapply,
  parLapplyLB, parRapply, parSapply, parSapplyLB
以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:stats') :
  xtabs
以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:base') :
  anyDuplicated, append, as.data.frame, as.vector,
  colnames, do.call, duplicated, eval, evalq, intersect,
  is.unsorted, lapply, Map, mapply, paste, pmax, pmax.int,
  pmin, pmin.int, Position, Reduce, rep.int, rownames,
  sapply, setdiff, union, unique, unlist
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
> |
```

```
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
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
> library(ShortRead)
要求されたパッケージ BiocParallel をロード中です
要求されたパッケージ Rsamtools 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 GenomicAlignments をロード中です
要求されたパッケージ BSgenome をロード中です
> |
```

```
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 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

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マスクされています (from 'package:GenomicA
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, use
and functionality, please consider migrating to '
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 Rcpp 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'

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:DESeq')

estimateSizeFactorsForMatrix, getVarianceStabilization
plotPCA, varianceStabilizingTransformation
```

ここまでの作業で、Biostrings, ShortRead, TCC, BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9などの各種パッケージが利用可能になっているはず。左記のように打ち込んでエラーが出ていなければオッケー。

```
R Console
要求されたパッケージ baySeq をロード中です
次のパッケージを付け加えます: 'baySeq'
以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:ShortRead') $
rbind
以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:GenomicRanges$
rbind
以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:IRanges') :
rbind
以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:BiocGenerics$
rbind
以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:base') :
rbind
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マスクされています (from 'package:edgeR') :
calcNormFactors
> |
```

```
> library(BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9)
```

```
要求されたパッケージ BSgenome 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'

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:parallel') :

```
clusterApply, clusterApplyLB, clusterCall, clusterEvalQ,  
clusterExport, clusterMap, parApply, parCapply, parLapply,  
parLapplyLB, parRapply, parSapply, parSapplyLB
```

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:stats') :

```
xtabs
```

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:base') :

```
anyDuplicated, append, as.data.frame, as.vector, cbind,  
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
```

```
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 Biostrings をロード中です
```

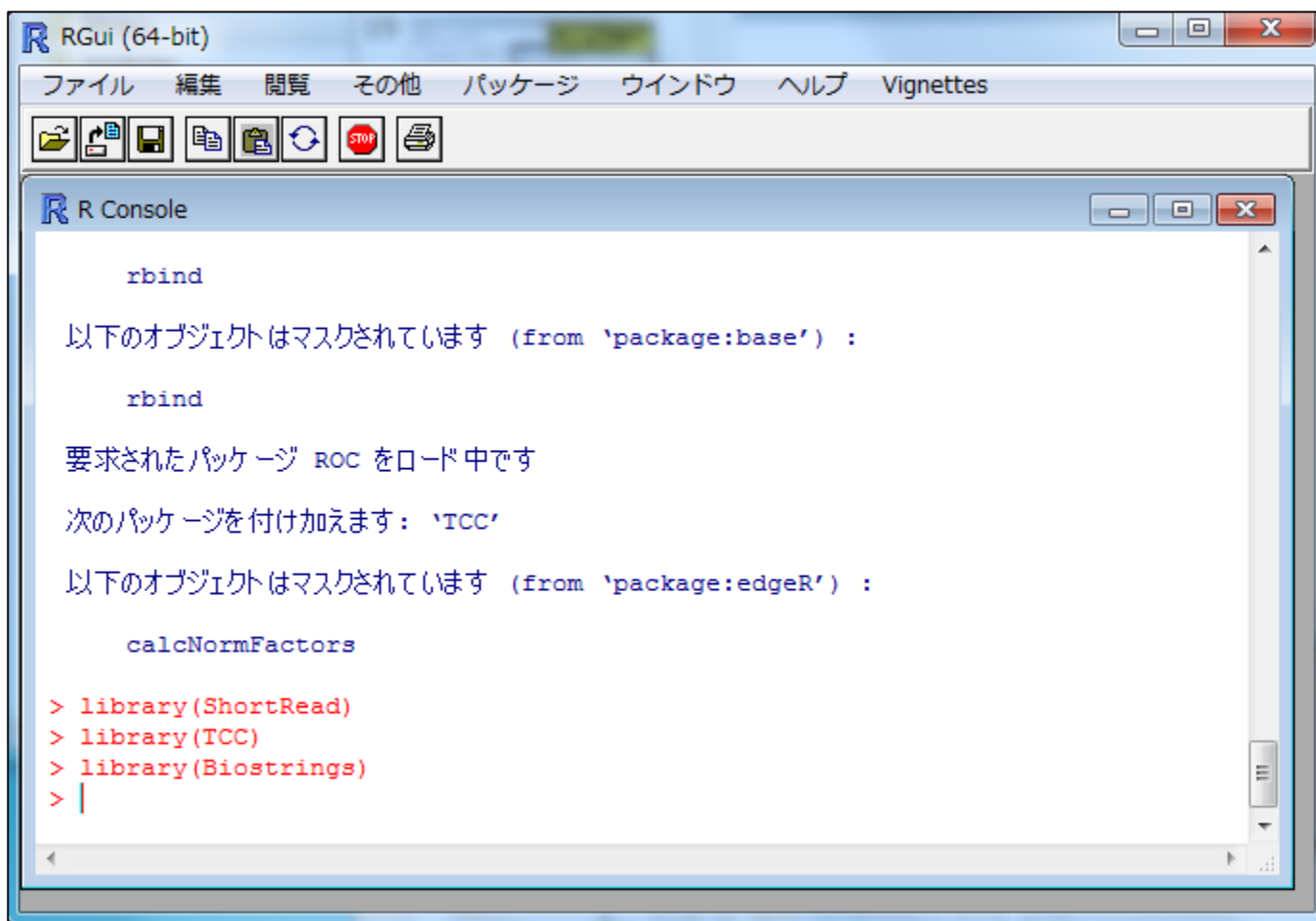
```
要求されたパッケージ XVector をロード中です
```

```
> library(BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9)
```

```
> |
```

ここまでの作業で、Biostrings, ShortRead, TCC, BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9とな  
どの各種パッケージが利用可能になってい  
るはず。左記のように打ち込んでエラーが  
出ていなければオッケー。

一度、library関数を用いて読み込んだパッケージをもう一度読み込むと、表示される文章がなくなります。しかしこれもエラーなく読み込めているので問題なしです



```
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

rbind
以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:base') :
rbind
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マスクされています (from 'package:edgeR') :
calcNormFactors
> library(ShortRead)
> library(TCC)
> library(Biostrings)
> |
```

# エラー遭遇例とその対処法1

ときどき必要なパッケージのインストールに失敗していて、任意のパッケージXXXの読み込みを行うlibrary(XXX)実行後にエラーが出てしまうことがあります。例はTCCパッケージが要求している「RcppArmadilloパッケージがないからダメ!」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'
以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:parallel') :

  clusterApply, clusterApplyLB, clusterCall, clusterEvalQ,
  clusterExport, clusterMap, parApply, parCapply, parLapply,
  parLapplyLB, parRapply, parSapply, parSapplyLB

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:stats') :

  xtabs

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:base') :

  anyDuplicated, append, as.data.frame, as.vector, cbind,
  colnames, do.call, duplicated, eval, evalq, Filter, Find, get,
  intersect, is.unsorted, lapply, Map, mapply, match, mget, order,
  paste, pmax, pmax.int, pm
Reduce, rep.int, rownames
union, unique, unlist

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

Vignettes contain introductory
'browseVignettes()'. To c
'citation("Biobase")', an

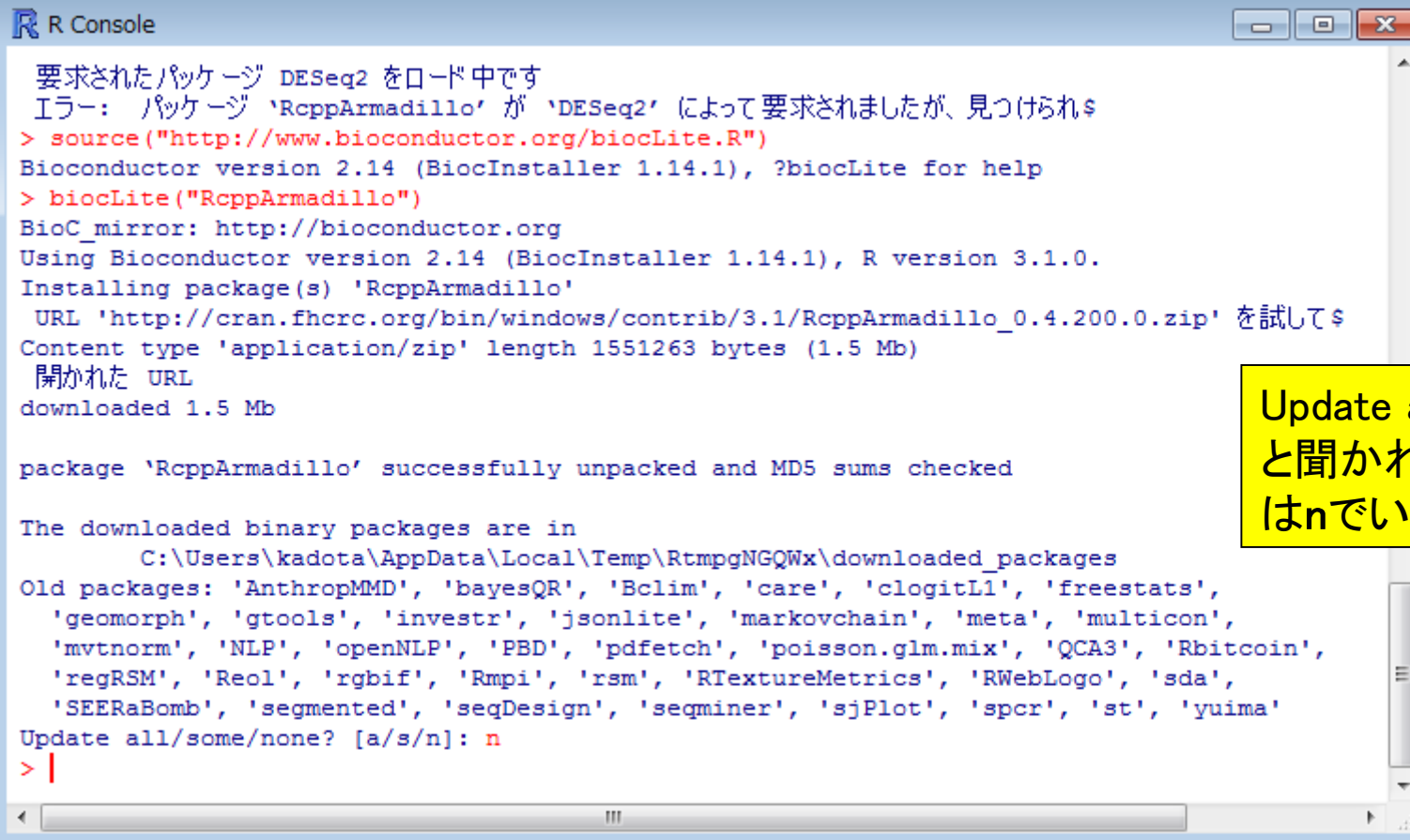
要求されたパッケージ locfit をロード中
locfit 1.5-9.1 2013-03-22
要求されたパッケージ lattice をロード中です
Welcome to 'DESeq'. For improved performance, usability and
functionality, please consider migrating to 'DESeq2'.
要求されたパッケージ DESeq2 をロード中です
要求されたパッケージ GenomicRanges をロード中です
要求されたパッケージ IRanges をロード中です
要求されたパッケージ GenomeInfoDb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

```
R Console
> 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が、見つけれませんでした
> |
```

# エラー遭遇例とその対処法1

基本的な対処法は、文句を言われたパッケージのみインストールすることです。RcppArmadilloパッケージを個別にインストールするためのコマンドの基本形は以下のとおりです：

```
source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")
biocLite("RcppArmadillo")
```



```
R Console
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が、見つけれられ$
> source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")
Bioconductor version 2.14 (BiocInstaller 1.14.1), ?biocLite for help
> biocLite("RcppArmadillo")
BioC_mirror: http://bioconductor.org
Using Bioconductor version 2.14 (BiocInstaller 1.14.1), R version 3.1.0.
Installing package(s) 'RcppArmadillo'
  URL 'http://cran.fhcrc.org/bin/windows/contrib/3.1/RcppArmadillo_0.4.200.0.zip' を試して$
Content type 'application/zip' length 1551263 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\RtmpgNGQWx\downloaded_packages
Old packages: 'AnthropMMD', 'bayesQR', 'Bclim', 'care', 'clogitL1', 'freestats',
'geomorph', 'gtools', 'investr', 'jsonlite', 'markovchain', 'meta', 'multicon',
'mvtnorm', 'NLP', 'openNLP', 'PBD', 'pdfetch', 'poisson.glm.mix', 'QCA3', 'Rbitcoin',
'regRSM', 'Reol', 'rgbif', 'Rmpi', 'rsm', 'RTextureMetrics', 'RWebLogo', 'sda',
'SEERaBomb', 'segmented', 'seqDesign', 'seqminer', 'sjPlot', 'spcr', 'st', 'yuima'
Update all/some/none? [a/s/n]: n
> |
```

Update all/some/none? [a/s/n]:  
と聞かれることもありますが基本  
はnでいいです。

```
R Console
Update all/some/none? [a/s/n]: n
> 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'

以下のオブジェクトはマスクされています (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'

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:DESeq2') :

  plotMA

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:DESeq') :

  plotMA

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:BiocGenerics') :

  plotMA

要求されたパッケージ baySeq をロード中です
次のパッケージを付け加えます: 'baySeq'

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:GenomicRanges') :

  rbind

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:IRanges') :

  rbind

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:BiocGenerics') :

  rbind

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:base') :

  rbind

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マスクされています (from 'package:edgeR') :

  calcNormFactors

> |
```

RcppArmadilloパッケージのインストール後に、もう一度library(TCC)とやって、エラーが出なくなることを確認しています。

```
R Console

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:$

  calcNormFactors

> library(TCC)
> |
```



# エラー遭遇例とその対処法2

次のエラー遭遇例は、TCCパッケージが要求している「XMLパッケージがないからダメ!」と文句を言われている例です。重要な点は、エラーメッセージ中に「パッケージ' DESeq' をロードできませんでした」と書いてありますが、原因はDESeqではなくXMLパッケージがないためであるということを読み解くことです。

```
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'

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:parallel') :

  clusterApply, clusterApplyLB, clusterCall, clusterEvalQ,
  clusterExport, clusterMap, parApply, parCapply, parLapply,
  parLapplyLB, parRapply, parSapply, parSapplyLB

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:stats') :

  xtabs

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'pac

  anyDuplicated, append, as.data.frame
  colnames, do.call, duplicated, eval,
  intersect, is.unsorted, lapply, Map,
  paste, pmax, pmax.int, pmin, pmin.in
  Reduce, rep.int, rownames, sapply, s
  union, unique, unlist

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
Error in loadNamespace(j <- i[[1L]], c(lib.loc, .libPaths()), versionCheck = $
  'XML' という名前のパッケージはありません
エラー: パッケージ 'DESeq' をロードできませんでした
> |
```

```
R Console
> library(TCC)
要求されたパッケージ DESeq をロード中です
Error in loadNamespace(j <- i[[1L]], c(lib.loc, .libPaths()), versionCheck = $
  'XML' という名前のパッケージはありません
エラー: パッケージ 'DESeq' をロードできませんでした
> |
```

# エラー遭遇例とその対処法2

基本的な対処法は、文句を言われたパッケージのみインストールすることです。XMLパッケージを個別にインストールするためのコマンドの基本形は以下のとおりです：

```
source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")
biocLite("XML")
```

```
R Console
> library(TCC)
要求されたパッケージ DESeq をロード中です
Error in loadNamespace(j<-i[[1L]], c(lib.loc, .libPaths()), versionCheck = $
  'XML' という名前のパッケージはありません
エラー: パッケージ 'DESeq' をロードできませんでした
> source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")
Bioconductor version 2.14 (BiocInstaller 1.14.1), ?biocLite for help
> biocLite("XML")
BioC_mirror: http://bioconductor.org
Using Bioconductor version 2.14 (BiocInstaller 1.14.1), R version 3.1.0.
Installing package(s) 'XML'
URL 'http://cran.fhcrc.org/bin/windows/contrib/3.1/XML_3.98-1.1.zip' を試し$
Content type 'application/zip' length 4288694 bytes (4.1 Mb)
開かれた URL
downloaded 4.1 Mb

package 'XML' successfully unpacked and MD5 sums checked

The downloaded binary packages are in
  C:\Users\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpY31Pk1\downloaded_packages
Old packages: 'AnthropMMD', 'bayesQR', 'Bclim', 'care', 'clogitL1',
'freestats', 'geomorph', 'gtools', 'investr', 'jsonlite', 'markovchain',
'meta', 'multicon', 'mvtnorm', 'NLP', 'openNLP', 'PBD', 'pdfetch',
'poisson.glm.mix', 'QCA3', 'Rbitcoin', 'regRSM', 'Reol', 'rgbif', 'Rmpi',
'rsm', 'RTextureMetrics', 'RWebLogo', 'sda', 'SEERaBomb', 'segmented',
'seqDesign', 'seqminer', 'sjPlot', 'sPCR', 'st', 'yuima'
Update all/some/none? [a/s/n]: n
> |
```

Update all/some/none? [a/s/n]:  
と聞かれることもありますが基本  
はnでいいです。

```
R Console
Update all/some/none? [a/s/n]: n
> library(TCC)
要求されたパッケージ DESeq 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 GenomicRanges 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 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
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'

以下のオブジェクトはマスクされています (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'

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:DESeq2'):

  plotMA

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:DESeq'):

  plotMA

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:BiocGenerics'):

  plotMA

要求されたパッケージ baySeq をロード中です
次のパッケージを付け加えます: 'baySeq'

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:GenomicRanges'):

  rbind

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:IRanges'):

  rbind

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:BiocGenerics'):

  rbind

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:base'):

  rbind

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マスクされています (from 'package:edgeR'):

  calcNormFactors

> |
```

# 方法2

XMLパッケージのインストール後に、もう一度library(TCC)とやって、エラーが出なくなることを確認しています。

```
R Console
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マスクされています (from 'package:edgeR'):

  calcNormFactors

> library(TCC)
> |
```

# エラー遭遇例とその対処法3

シロイヌナズナ (*A. thaliana*) ゲノム配列情報を含む `BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9` パッケージ読み込み時にエラーが出ている例です。対処法は以下の通りです。

```
source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")
biocLite("BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9")
```

R Console

```
> library(BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9)
以下にエラー library(BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9) :
  'BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9' という名前のパッケージはありません
> source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")
Bioconductor version 2.14 (BiocInstaller 1.14.1), ?biocLite for help
> biocLite("BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9")
BioC_mirror: http://bioconductor.org
Using Bioconductor version 2.14 (BiocInstaller 1.14.1), R version 3.1.0.
Installing package(s) 'BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9'
  URL 'http://bioconductor.org/packages/2.14/data/annotation/bin/windows/cont$
Content type 'application/zip' length 37765491 bytes (36.0 Mb)
  開かれた URL
downloaded 36.0 Mb

The downloaded binary packages are in
  C:\Users\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpaoaPGj\downloaded_packages
Old packages: 'AnthropMMD', 'bayesQR', 'Bclim', 'care', 'clogitL1',
'freestats', 'geomorph', 'gtools', 'investr', 'jsonlite', 'markovch
'meta', 'multicon', 'mvtnorm', 'NLP', 'openNLP', 'PBD', 'pdffetch',
'poisson.glm.mix', 'QCA3', 'Rbitcoin', 'regRSM', 'Reol', 'rgbif',
'rsm', 'RTextureMetrics', 'RWebLogo', 'sda', 'SEERaBomb', 'segmente
'seqDesign', 'seqminer', 'sjPlot', 'spcr', 'st', 'yuima'
Update all/some/none? [a/s/n]: n
> |
```

Update all/some/none? [a/s/n]:  
と聞かれることもありますが基本  
はnでいいです。

# エラー遭遇例とその対処法3

パッケージのインストール後に、もう一度 `library(BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9)` とやって、エラーが出なくなることを確認しています。

R Console

```
> library(BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9)
```

要求されたパッケージ BSgenome 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'

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:parallel') :

```
clusterApply, clusterApplyLB, clusterCall, clusterEvalQ,  
clusterExport, clusterMap, parApply, parCapply, parLapply,  
parLapplyLB, parRapply, parSapply, parSapplyLB
```

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:stats') :

```
xtabs
```

以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:base') :

```
anyDuplicated, append, as.data.frame, as.vector, cbind,  
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
```

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 Biostrings 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

```
> library(BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9)
```

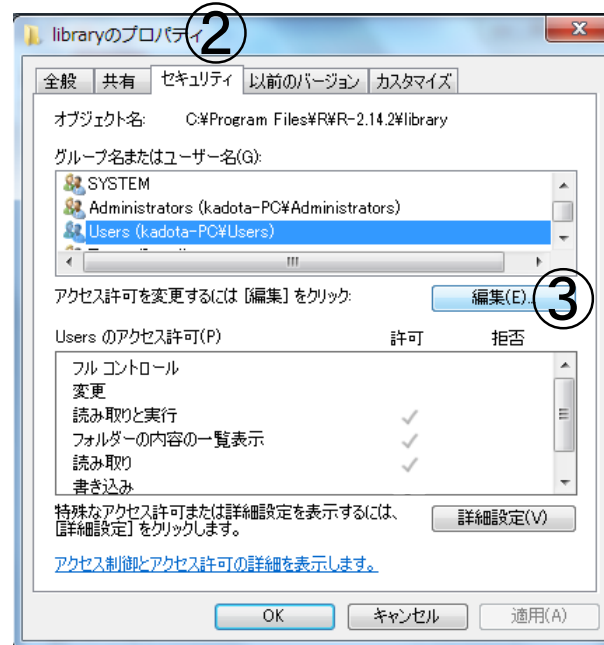
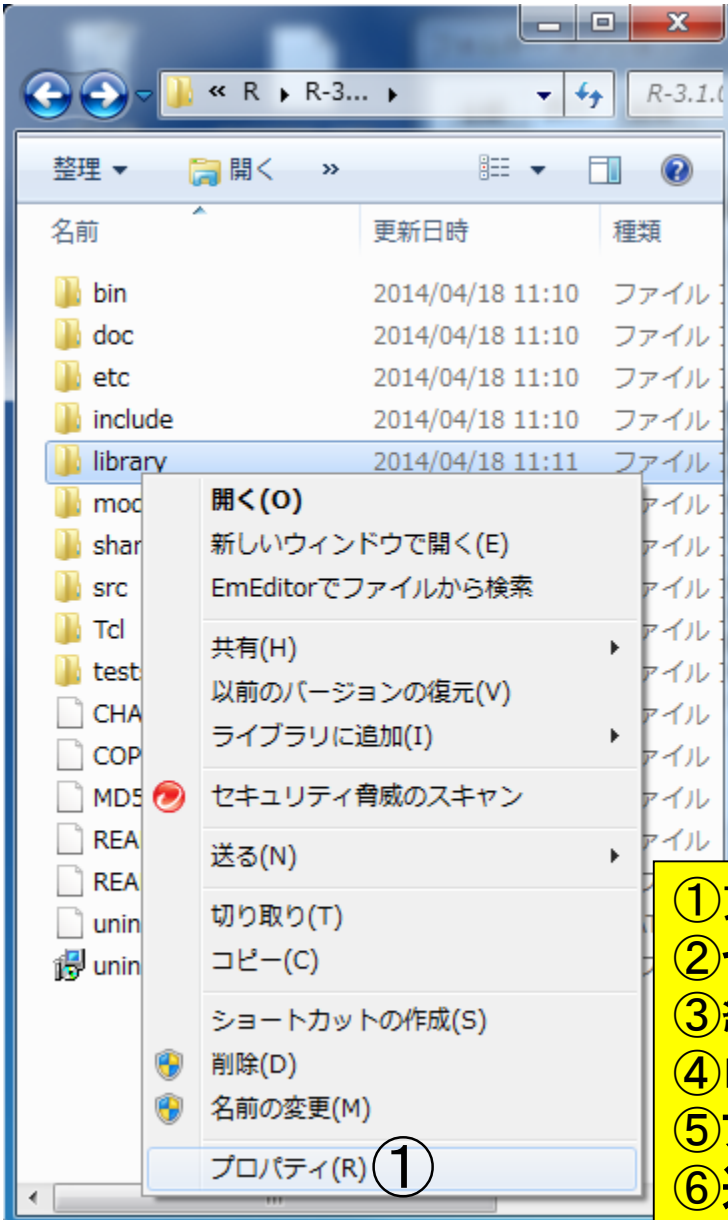
```
> |
```

# 対処時の注意

パッケージを個別にインストールするためのコマンドの基本形は以下のとおりですが、**二重クォーテーションに注意!!** 以下はXMLの左側がダメな例です  
source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")  
biocLite("XML")

```
R Console
> library(TCC)
要求されたパッケージ DESeq をロード中です
Error in loadNamespace(j <- i[[1L]], c(lib.loc, .libPaths()), versionCh$
  'XML' という名前のパッケージはありません
エラー: パッケージ 'DESeq' をロードできませんでした
> source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")
Bioconductor version 2.14 (BiocInstaller 1.14.1), ?biocLite for help
> biocLite("XML")
> library(TCC)
要求されたパッケージ DESeq をロード中です
Error in loadNamespace(j <- i[[1L]], c(lib.loc, .libPaths()), versionCh$
  'XML' という名前のパッケージはありません
エラー: パッケージ 'DESeq' をロードできませんでした
> |
```

「“C:/Program Files/R/R-3.1.0/library”に書き込み権限がない」的なエラーが出てインストールできなかった人は、書き込み権限を取得してもう一度トライ



- ① 文句を言われたフォルダ上で右クリックでプロパティを選択
- ② セキュリティタブを選択
- ③ 編集をクリック
- ④ ログインしているユーザーを選択(フルコントロールにチェックなし)
- ⑤ フルコントロールにチェックを入れる
- ⑥ 適用をクリック