

R ver. 3.2.1とBioconductor ver. 3.1 (2015年4-10月初旬頃インストールしたら基本自動的にこれになる)が入っているPC上で、2015年10月14日にリリースされたBioconductor ver. 3.2を利用すべく、2015年11月12日にR ver. 3.2.2をインストールして、パッケージ群をインストールしようとして遭遇したエラーとその対処法を示します。2015年7-8月に開催したNGSハンズオン講習会の7/30分講義でもバージョンの違いに起因するエラーについて述べています。

Rパッケージのインストール時に遭遇したトラブルとその対処法

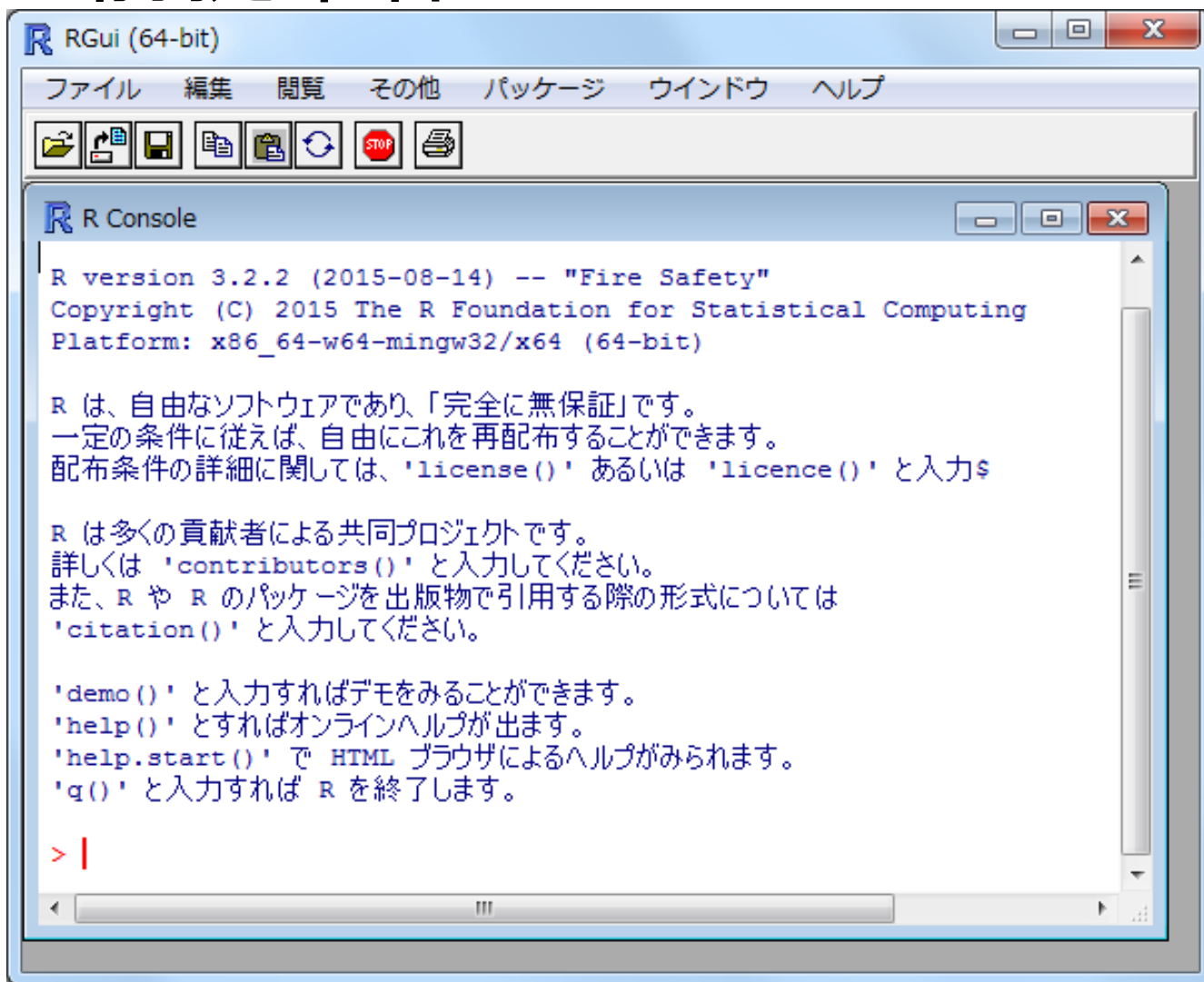
東京大学・大学院農学生命科学研究科
アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム

門田幸二(かどた こうじ)

kadota@iu.a.u-tokyo.ac.jp

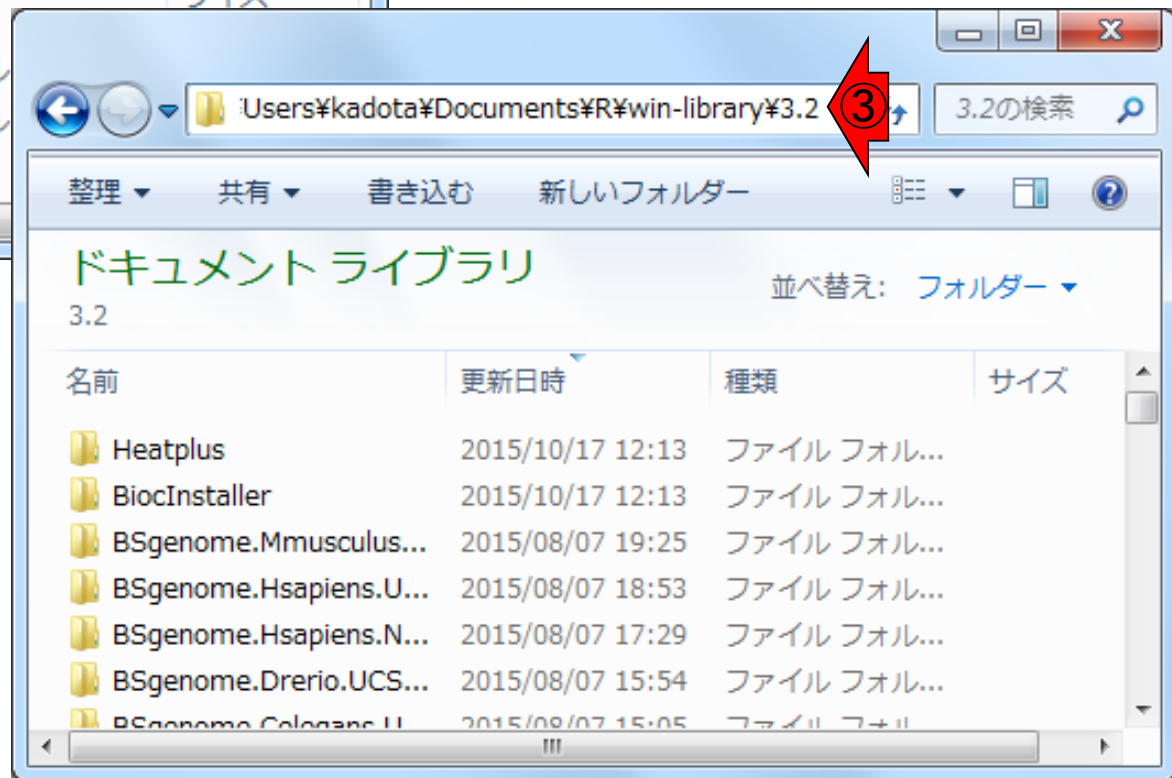
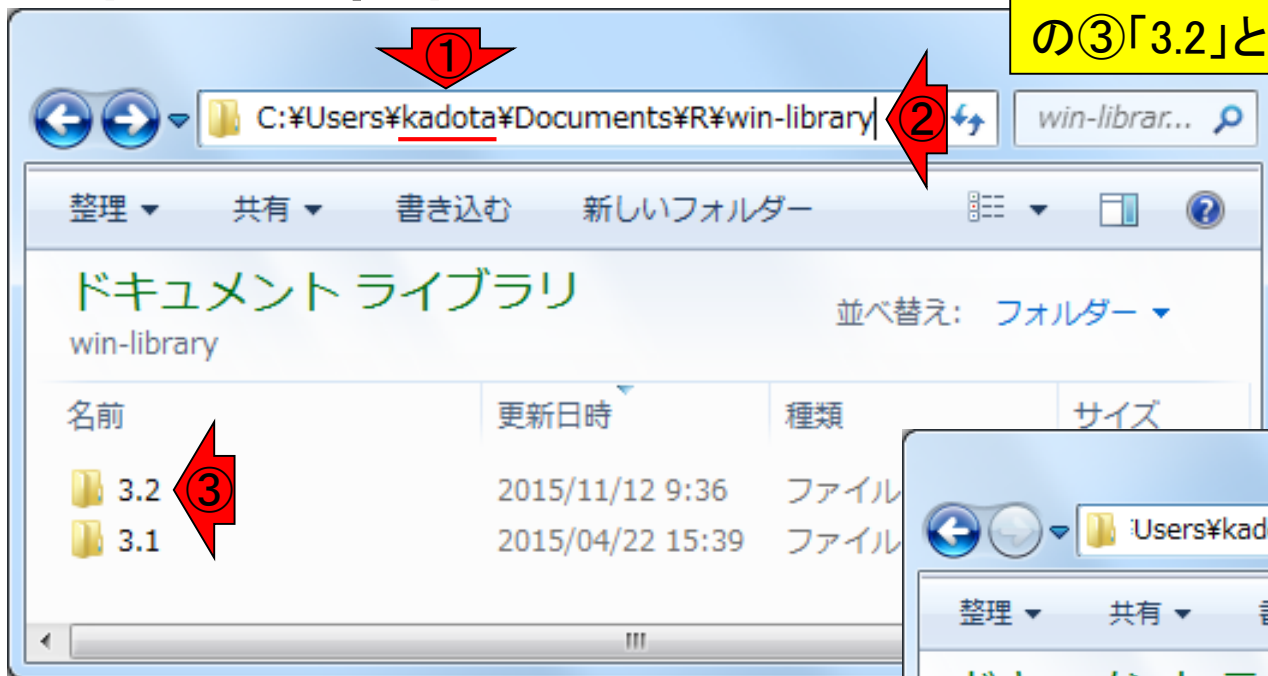
<http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/>

前提条件1



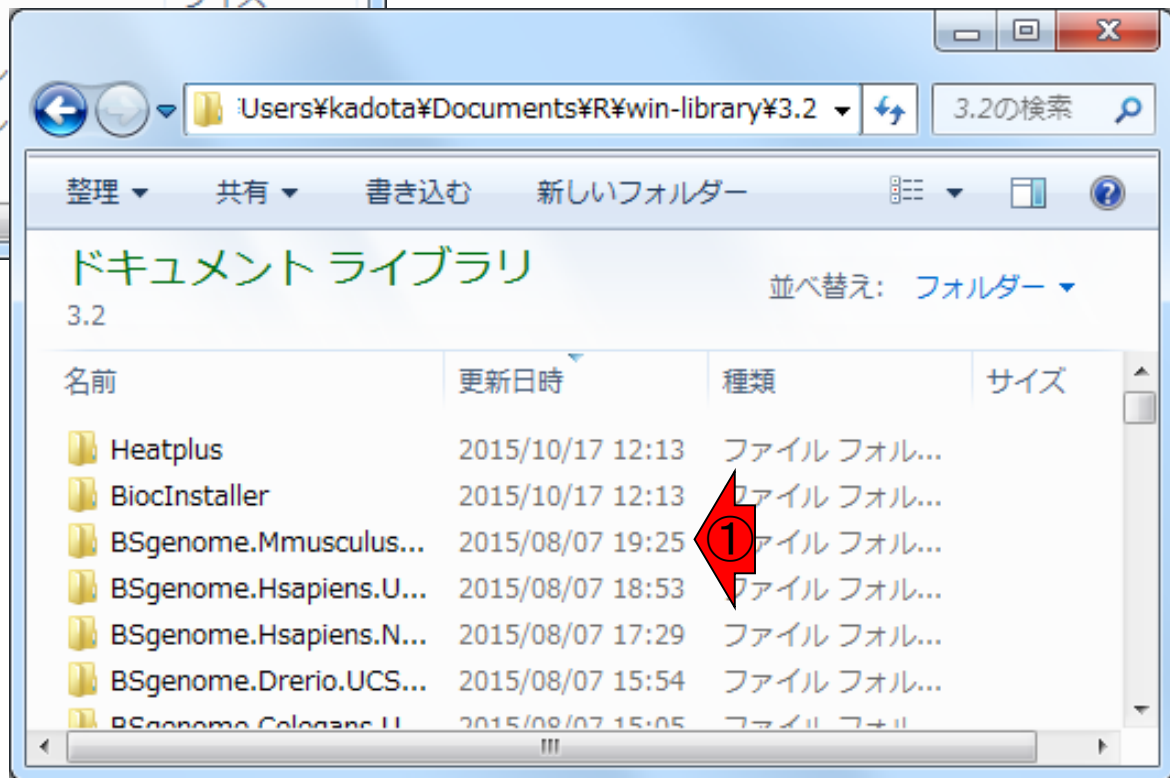
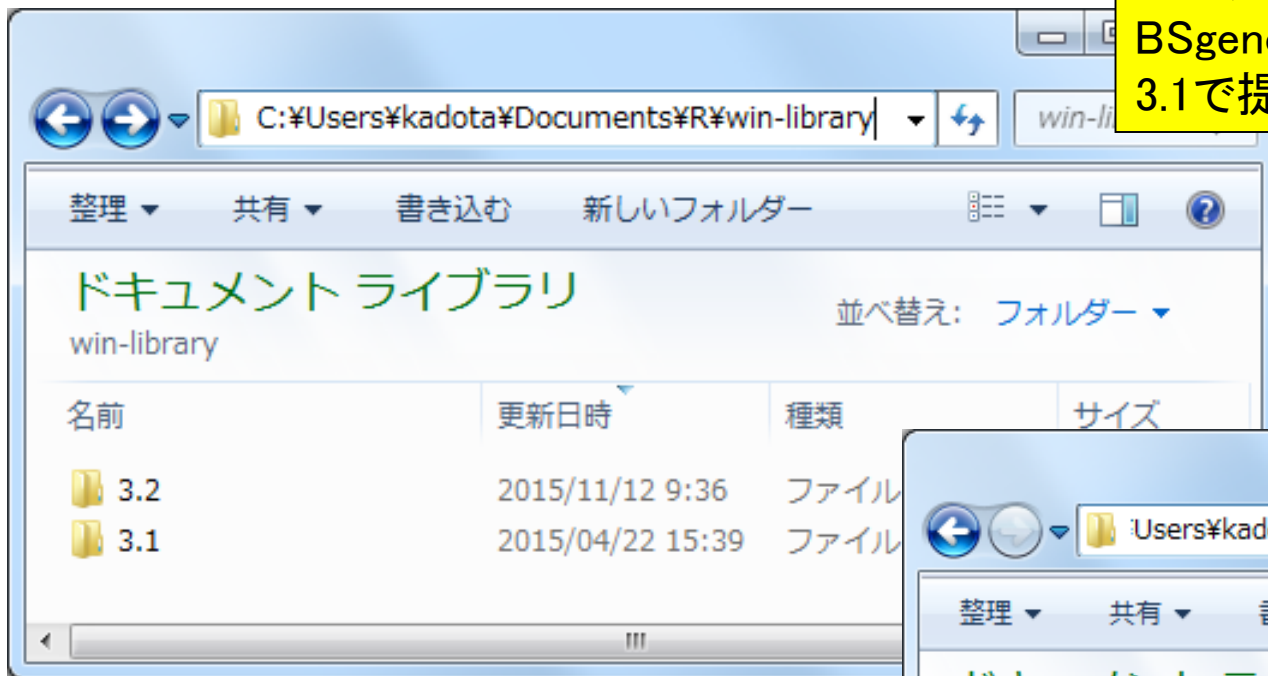
前提条件2

①kadotaさんのWindows環境では、2015年8月頃R ver. 3.2.1上でインストールしたパッケージ群が②「C:¥Users¥kadota¥Documents¥R¥win-library」中の③「3.2」というフォルダ中に格納されている。



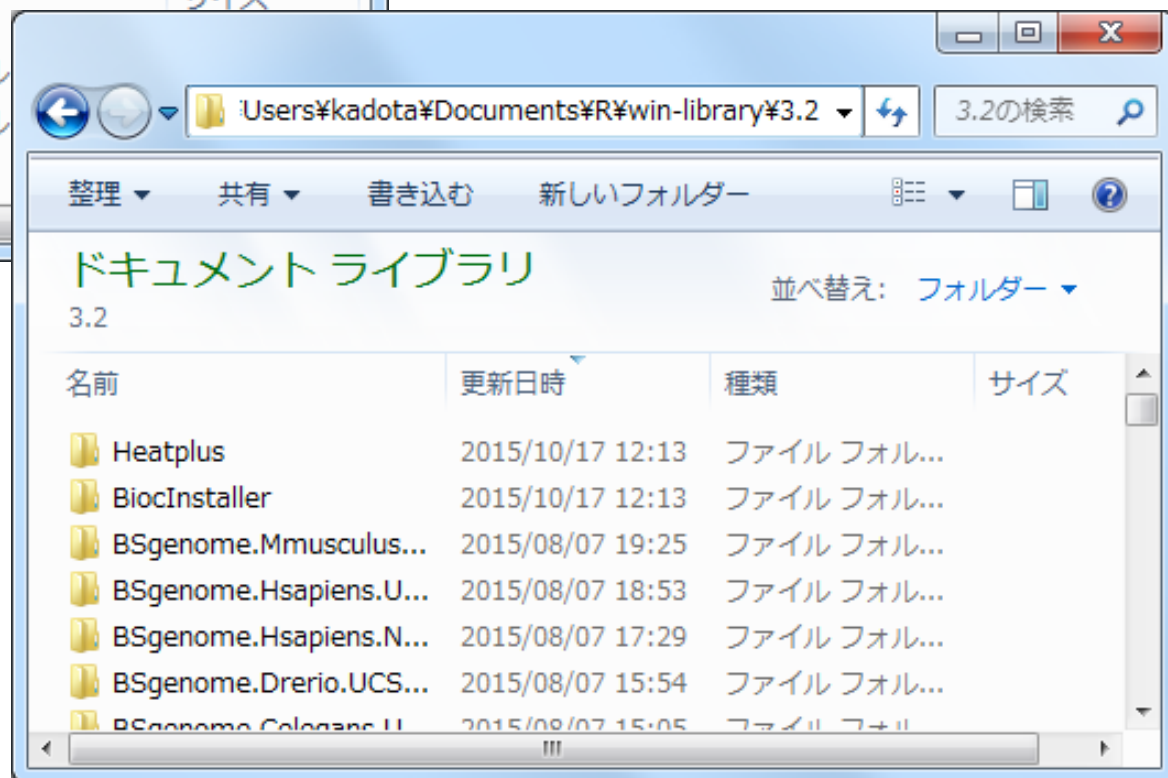
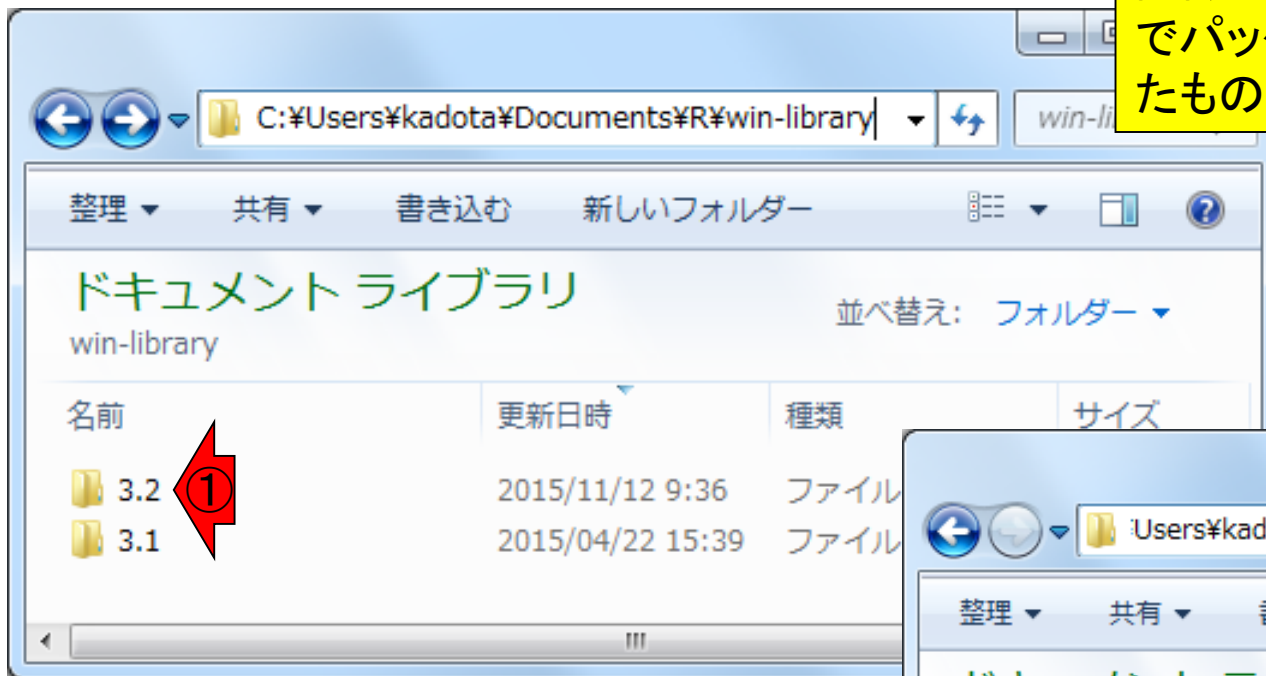
イントロ

エンドユーザは無意識にやっているので Bioconductorのバージョンを把握していないだろうが、①2015年8月7日にインストールした BSgenome...パッケージはBioconductor ver. 3.1で提供されているバージョンのものであります。



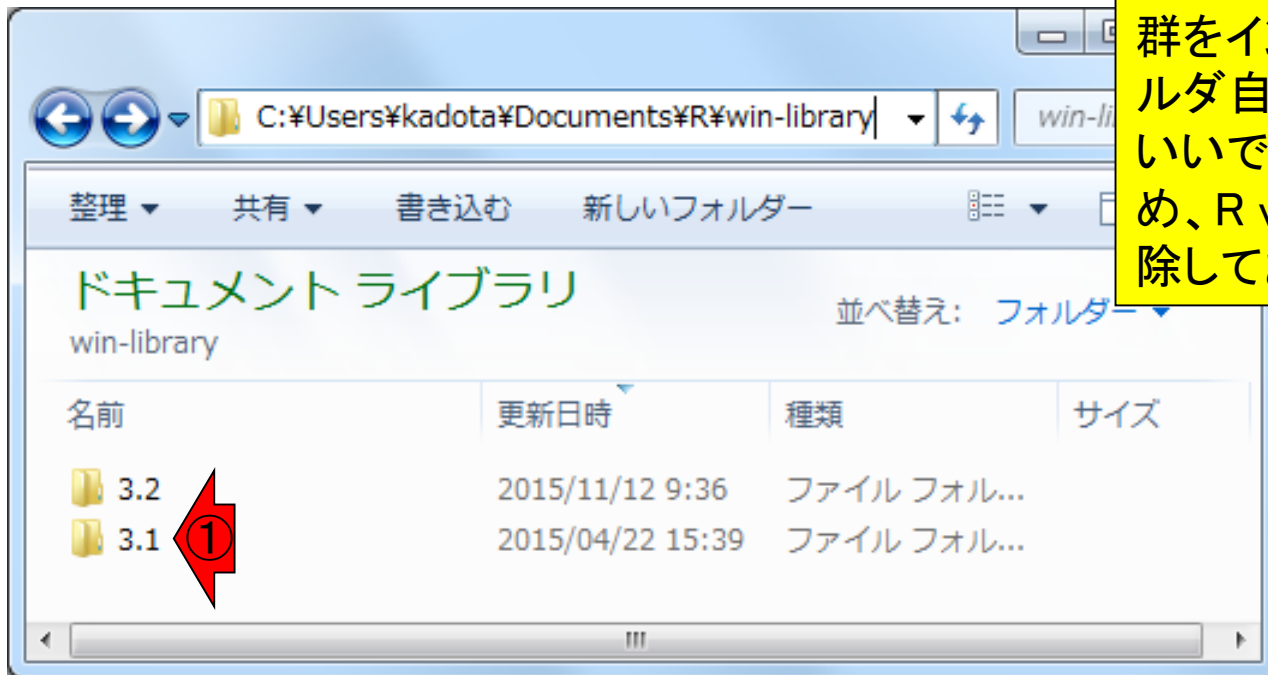
イントロ

この自動作成される①3.2というフォルダ名は、R ver. X.Y.ZというR本体のバージョンを自動認識して作成されます。これはR ver. 3.2.1上でパッケージをインストールする際に作成されたものなので、3.2になっています。



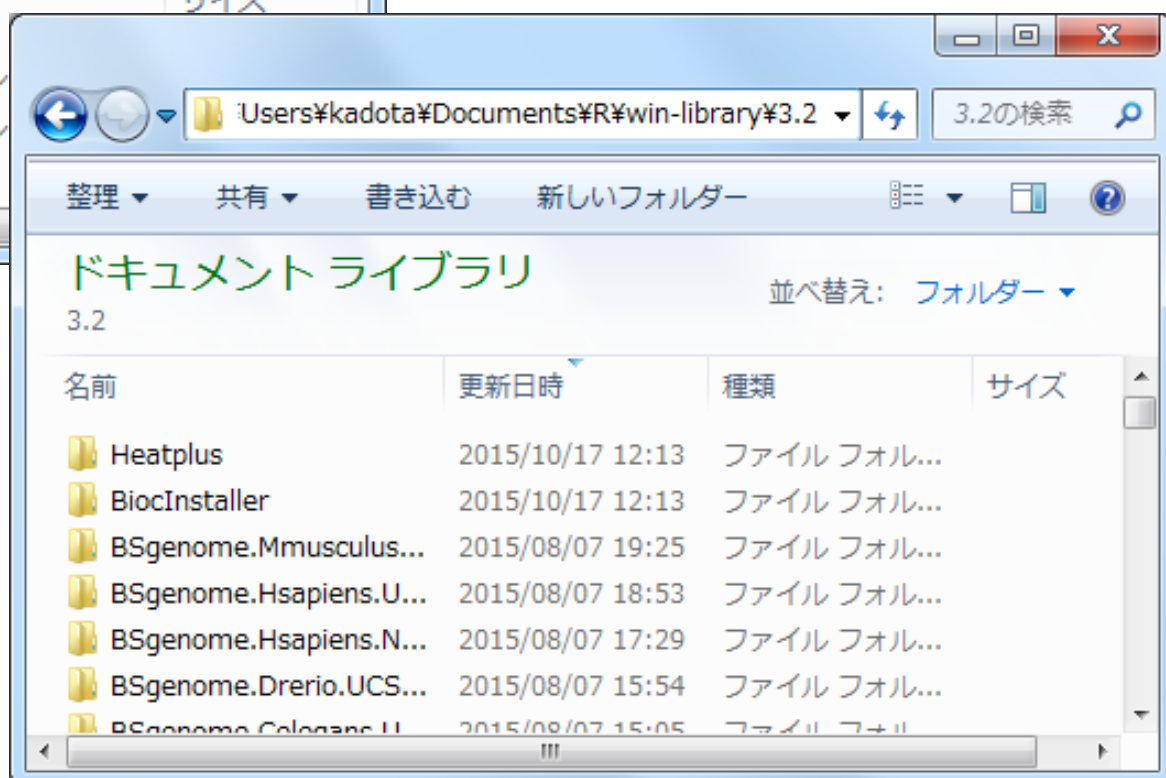
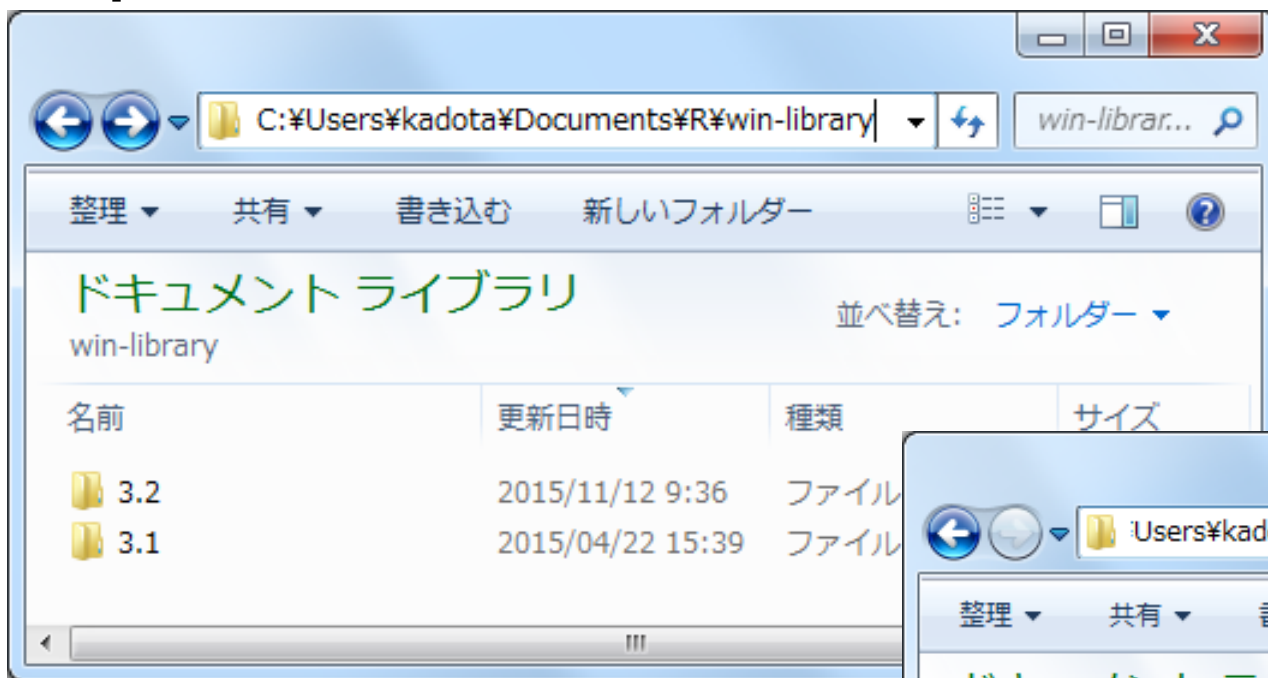
イントロ

ちなみに①3.1というフォルダもありますが、これはkadotaさんのPC上にはR ver. 3.1.3もインストールされており、このときにもパッケージ群をインストールしているためです。このフォルダ自体は悪さをしないのであってもなくてもいいですが、ディスク容量を食います。そのため、R ver. 3.1.3で作業をしないのであれば削除しておいても構いません。



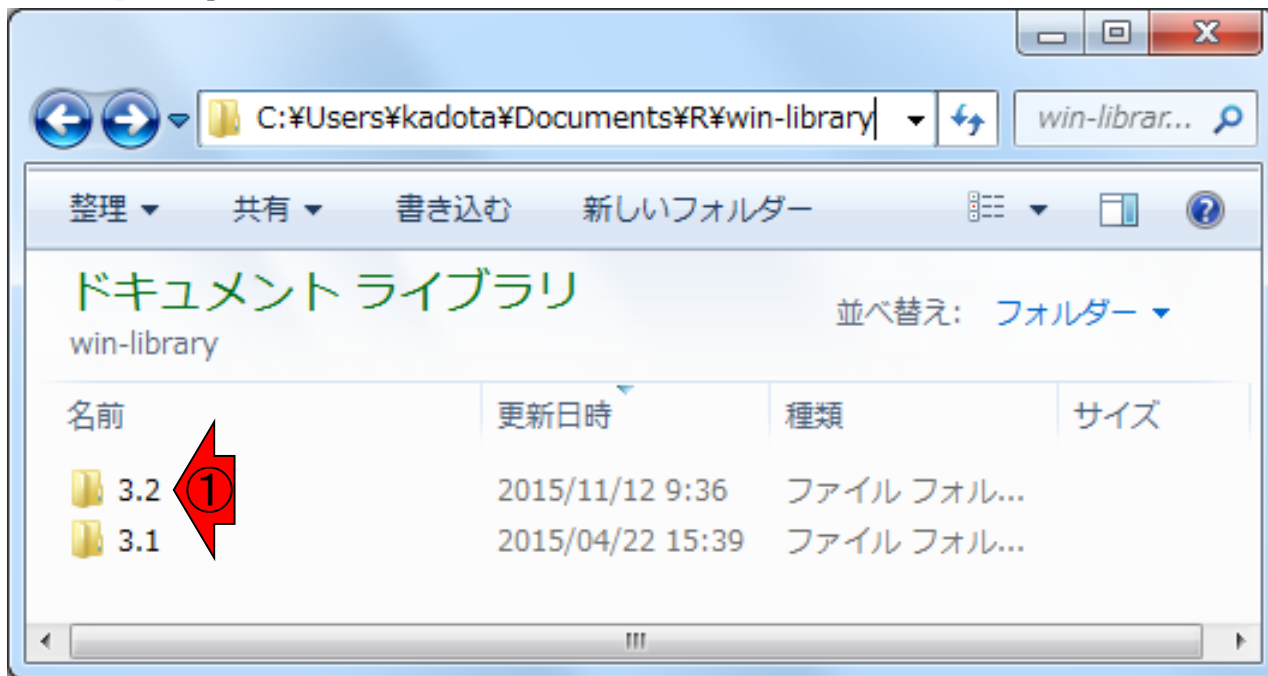
目的

2015年10月14日にリリースされたBioconductor ver. 3.2を利用すべく、R ver. 3.2.2上で、パッケージ群をインストールしたい。



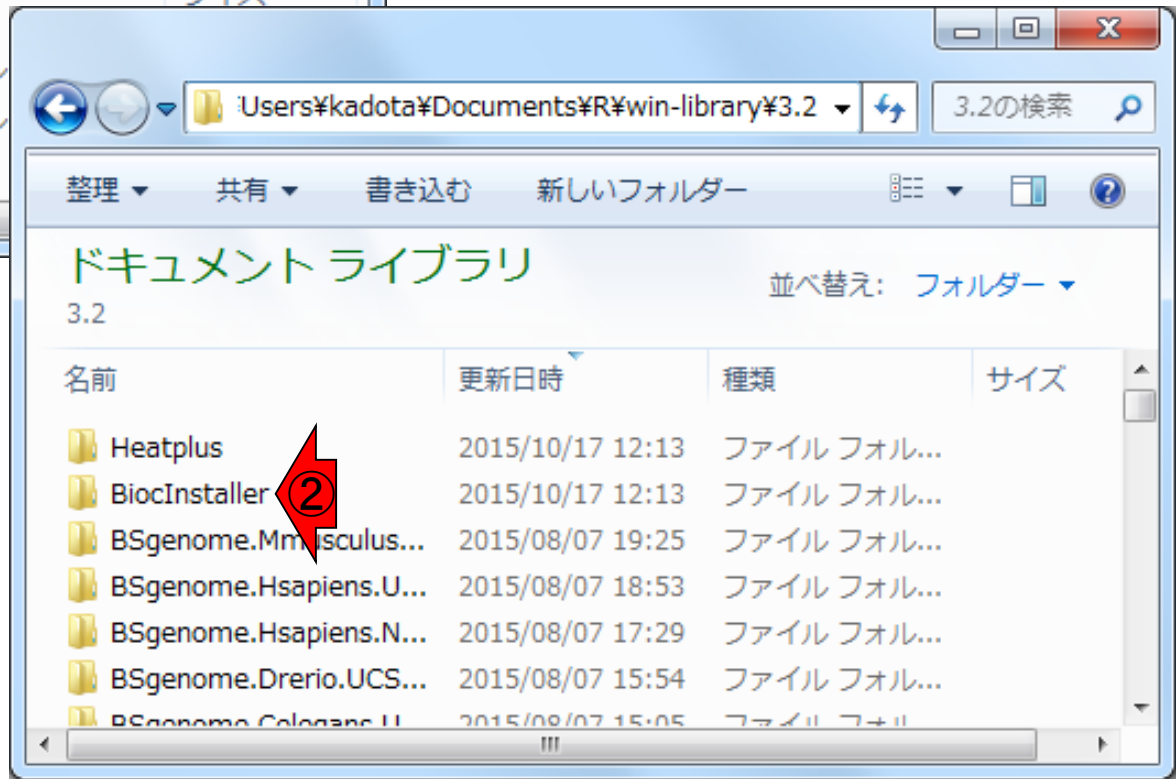
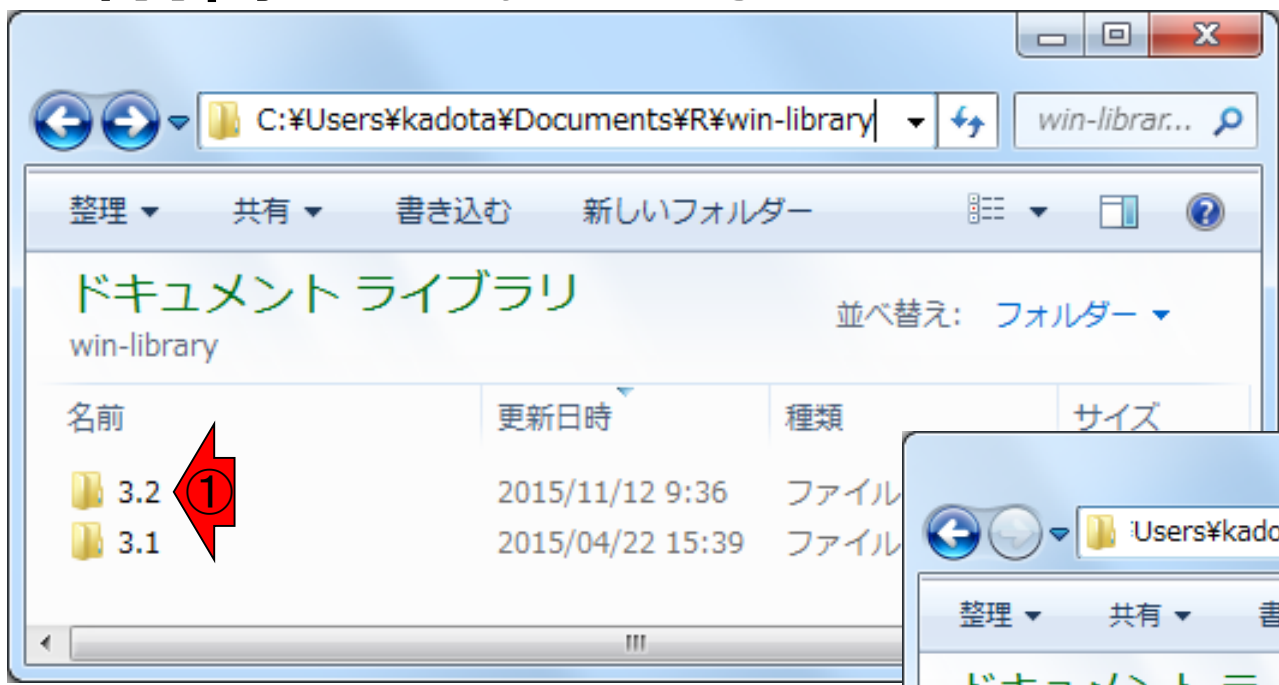
結論を先に書くと...

パッケージのインストール前に、予め①このフォルダを削除しておく。もちろん他にもっと美しい対処法があるのですが、私はいつも(思考停止派なので)こうしています。



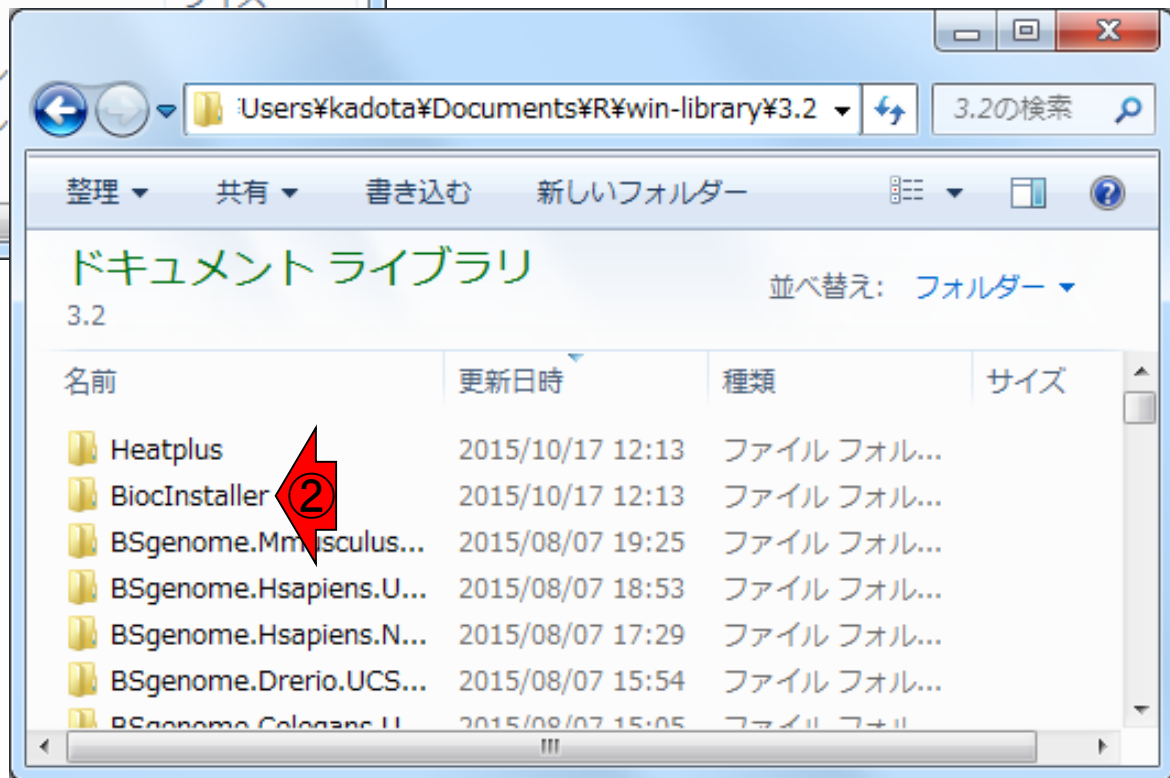
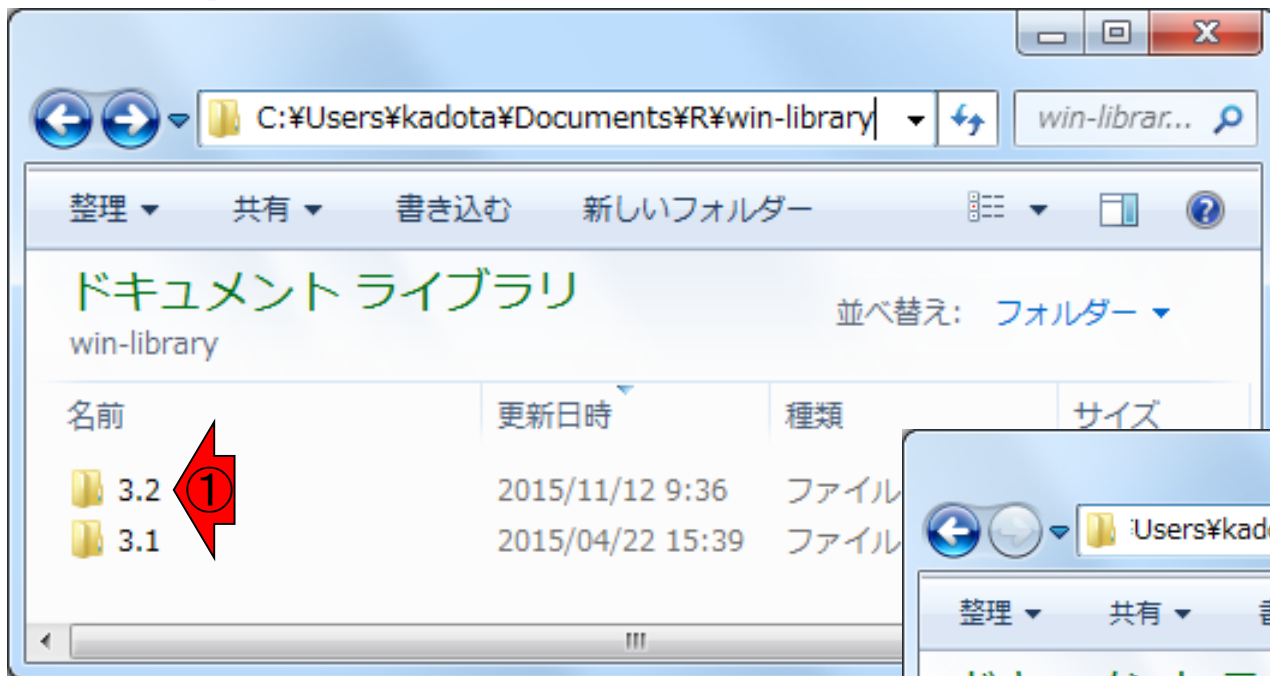
削除しておかないと...

インストールしたいBioconductor ver. 3.2ではなく、②Bioconductor ver. 3.1のときのインストーラが残っているので、そちらが優先的に使われてしまいます。



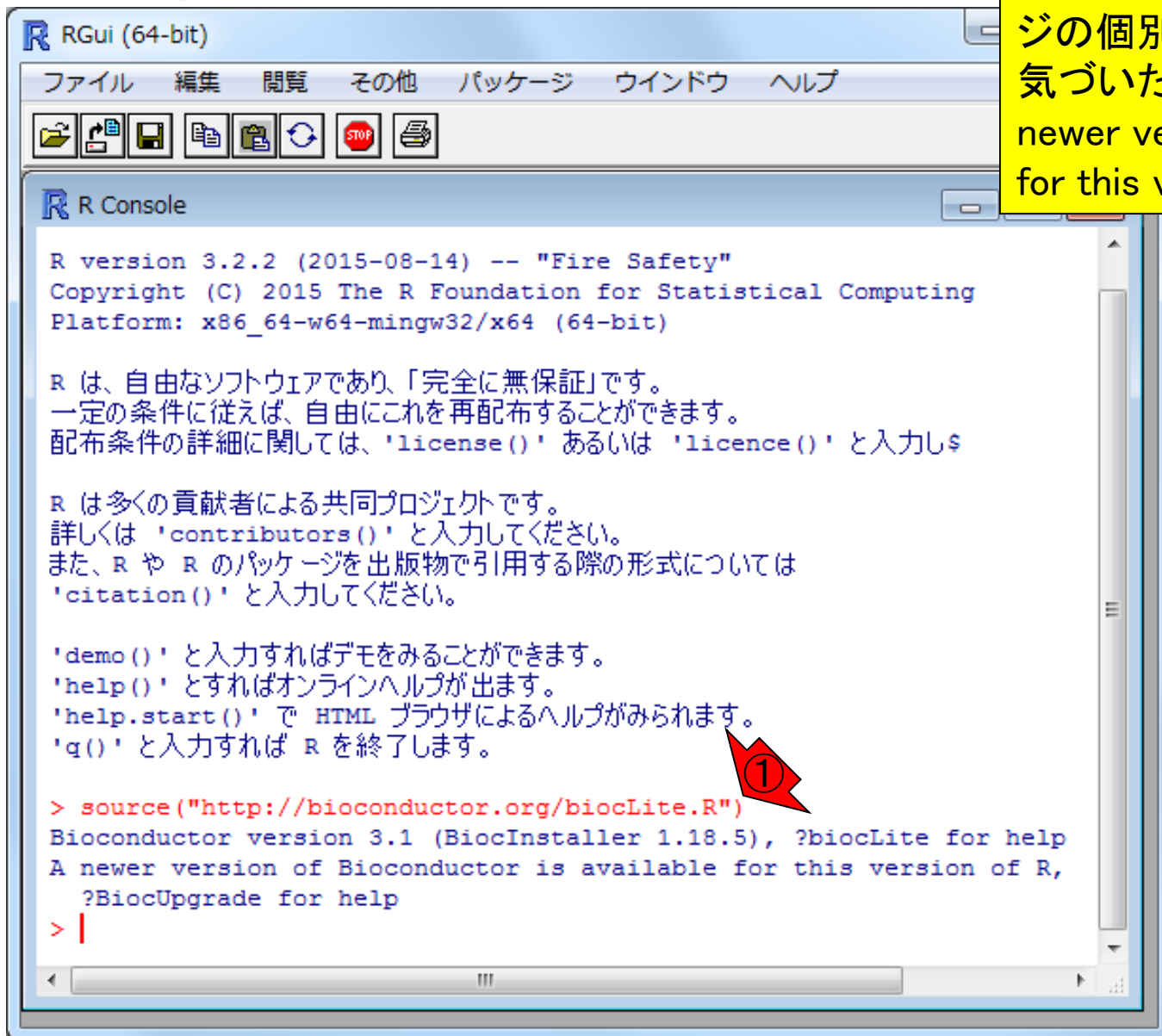
削除しておかないと...

もし②Bioconductor ver. 3.1のときのインストーラが残っている状態でBioconductor ver. 3.2提供パッケージをインストールしようとする...



削除しておかないと...

①のコマンドを打ち込んだときに、このようなメッセージが出ます。全部をコピーしたときにはなかなか気づきませんが、パッケージの個別インストール時などにふと問題に気づいたりします。よく見るとちゃんと「A newer version of Bioconductor is available for this version of R」と書いています。



```
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 version 3.2.2 (2015-08-14) -- "Fire Safety"
Copyright (C) 2015 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

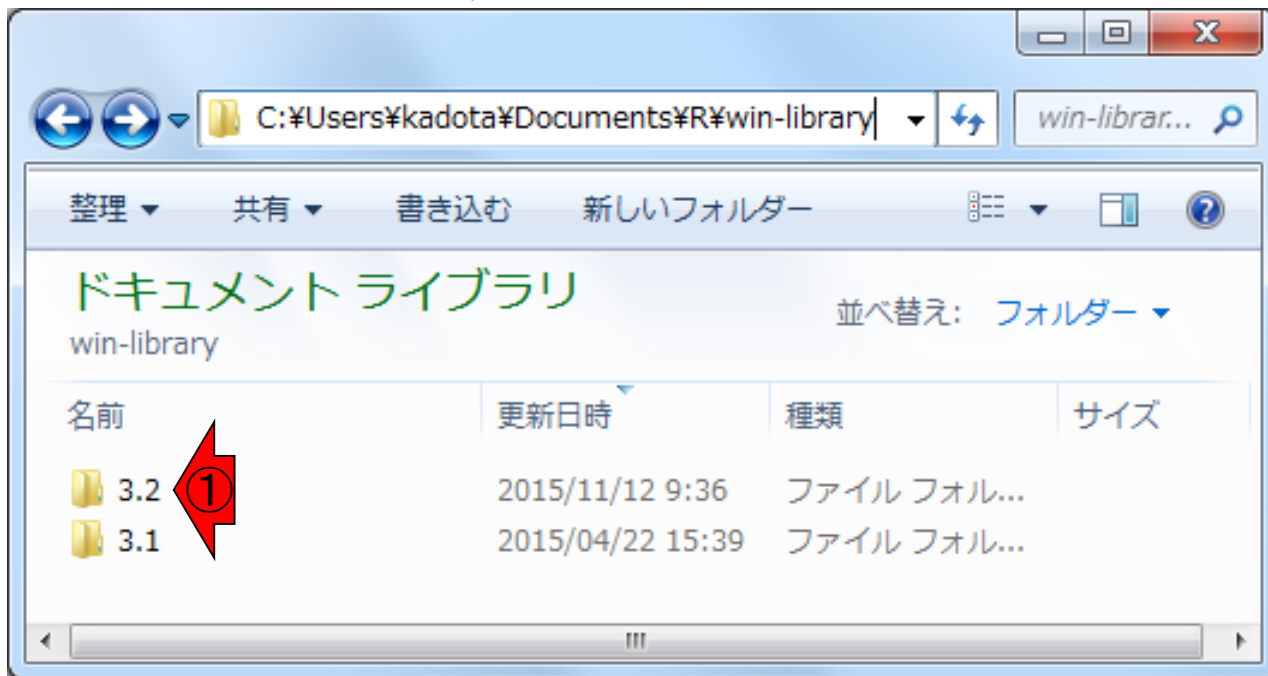
R は、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。
一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。
配布条件の詳細に関しては、'license()' あるいは 'licence()' と入力し$

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。

> source("http://bioconductor.org/biocLite.R")
Bioconductor version 3.1 (BiocInstaller 1.18.5), ?biocLite for help
A newer version of Bioconductor is available for this version of R,
?BiocUpgrade for help
> |
```

未来のあなたへ...



今回の問題は、Bioconductor ver. 3.1とver. 3.2が、ともにR本体のバージョンが3.2.x (xは任意)上で動くことに起因します。もし、将来R本体のバージョンが3.3.x上で、Bioconductor ver. 3.3提供パッケージ群をインストールする際は、3.3というフォルダは最初は存在しないためこのような問題は起きないでしょう。

未来のあなたへ...

基本的には「R本体のバージョン番号(R ver. X.Y.Z)」とkadota Windows PC中の「Rパッケージがインストールされている場所(C:¥Users¥kadota¥Documents¥R¥win-library)」にX.Yと同じ名前のフォルダがなければ気にしなくてよい。もしあった場合には、門田の遺言を思い出そう。

