

2023.05.31版

R、RStudio、そしてRパッケージのインストール手順を示します。スライドはWindows11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ります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プログラム
<https://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/>

メール: info@iu.a.u-tokyo.ac.jp
Twitter: @Agribio_utokyo

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(管理者として起動するのを忘れずに)
- Rパッケージ
 - CRANのパッケージのインストール
 - Bioconductorのパッケージのインストール
 - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

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



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

アプリ > アプリと機能

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

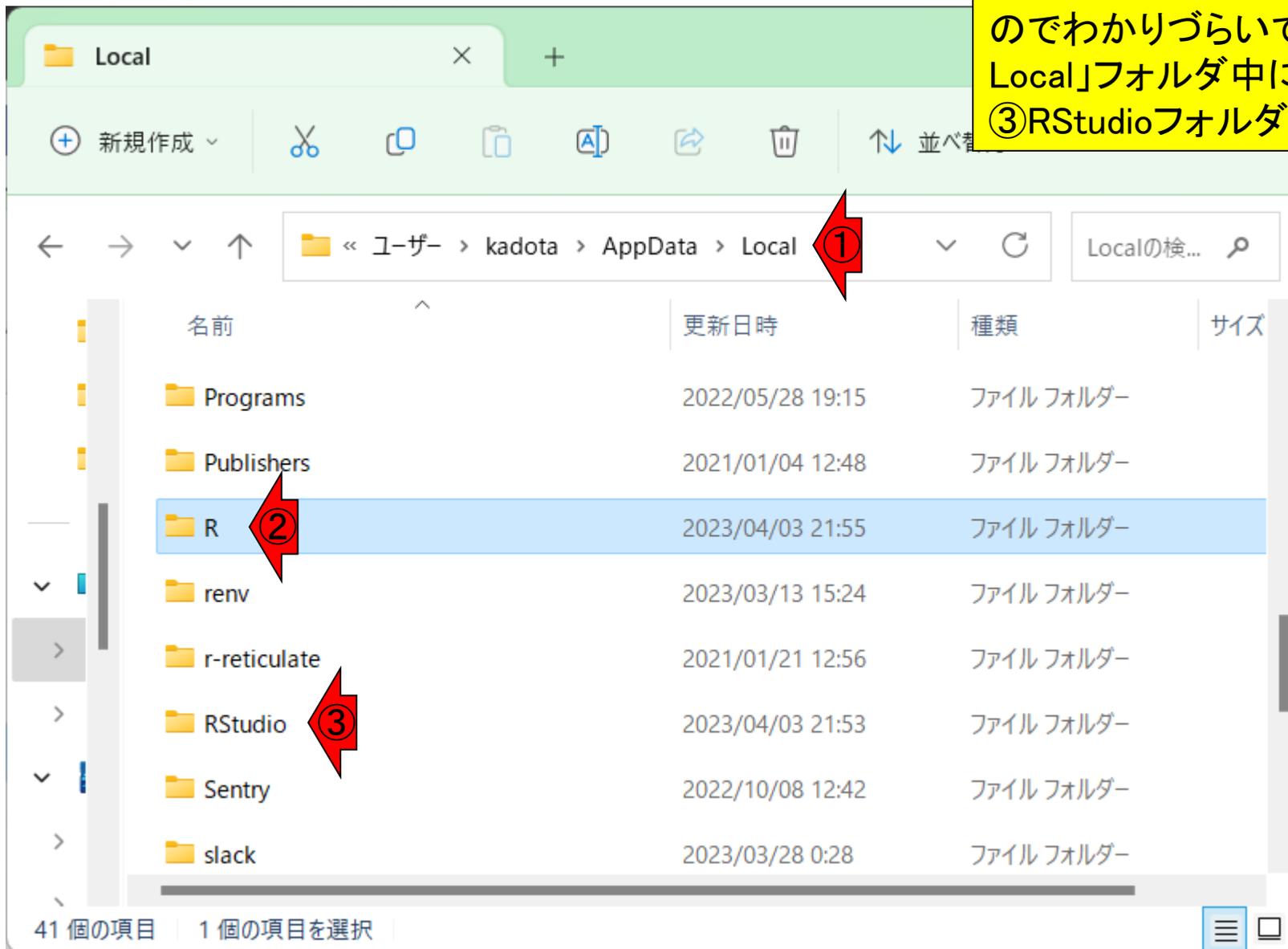
ゲーム

アクセシビリティ

	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		⋮

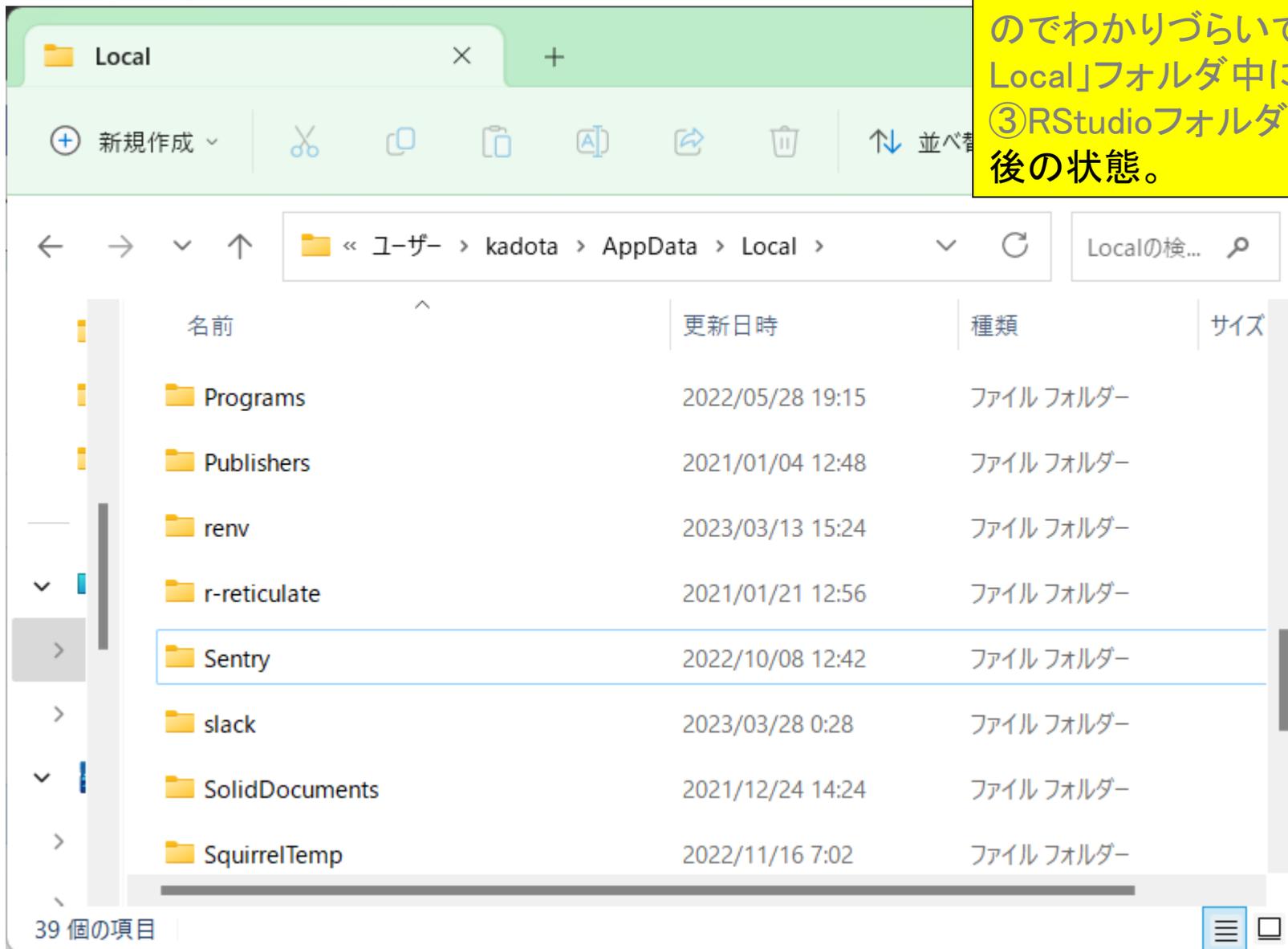
事前準備3

次は、以前にインストール済みのRパッケージ群などを削除します。推奨手順でインストールしたヒトは、(隠しフォルダなのでわかりづらいですが)①「AppData、Local」フォルダ中にある、②Rフォルダと、③RStudioフォルダを削除します。



事前準備4

次は、以前にインストール済みのRパッケージ群などを削除します。推奨手順でインストールしたヒトは、(隠しフォルダなのでわかりづらいですが)①「AppData、Local」フォルダ中にある、②Rフォルダと、③RStudioフォルダを削除します。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(管理者として起動するのを忘れずに)
- Rパッケージ
 - CRANのパッケージのインストール
 - Bioconductorのパッケージのインストール
 - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

R本体のインストール 1

①Macユーザはこちら。②Windowsユーザはこちら。2023年5月31日現在の最新バージョンは4.3.0。この場合、MacのインストーラはR-4.3.0.pkgとなり、Windowsのインストーラは、R-4.3.0-win.exeとなります。②をクリック。

The Comprehensive R Archive Network

Download and Install R

Precompiled binary distributions of the base system and contributed packages, **Windows and Mac** users most likely want one of these versions of R:

- [Download R for Linux \(Ubuntu, Fedora/Redhat, Ubuntu\)](#)
- [Download R for macOS](#)
- [Download R for Windows](#)

R is part of many Linux distributions, you should check with your Linux package management system in addition to the link above.

Source Code for all Platforms

Windows and Mac users most likely want to download the precompiled binaries listed in the upper box, not the source code. The sources have to be compiled before you can use them. If you do not know what this means, you probably do not want to do it!

- The latest release (2023-04-21, Already Tomorrow) [R-4.3.0.tar.gz](#), read [what's new](#) in the latest version.

<https://cran.r-project.org/>

R本体のインストール 2

①Macユーザはこちら。②Windowsユーザはこちら。2023年5月31日現在の最新バージョンは4.3.0。この場合、MacのインストーラはR-4.3.0.pkgとなり、Windowsのインストーラは、R-4.3.0-win.exeとなります。②をクリック。③baseをクリック。

The Comprehensive R Archive Net

cran.r-project.org

R for Windows

Subdirectories:

- [base](#) **③** Binaries for base distribution. This is what you want to [install R for the first time](#).
- [contrib](#) Binaries of contributed CRAN packages (for R >= 3.4.x).
- [old contrib](#) Binaries of contributed CRAN packages for outdated versions of R (for R < 3.4.x).
- [Rtools](#) Tools to build R and R packages. This is what you want to build your own packages on Windows, or to build R itself.

Please do not submit binaries to CRAN. Package developers might want to contact Uwe Ligges directly in case of questions / suggestions related to Windows binaries.

You may also want to read the [R FAQ](#) and [R for Windows FAQ](#).

Note: CRAN does some checks on these binaries for viruses, but cannot give guarantees. Use the normal precautions with downloaded executables.

CRAN

- [Mirrors](#)
- [What's new?](#)
- [Search](#)
- [CRAN Team](#)

About R

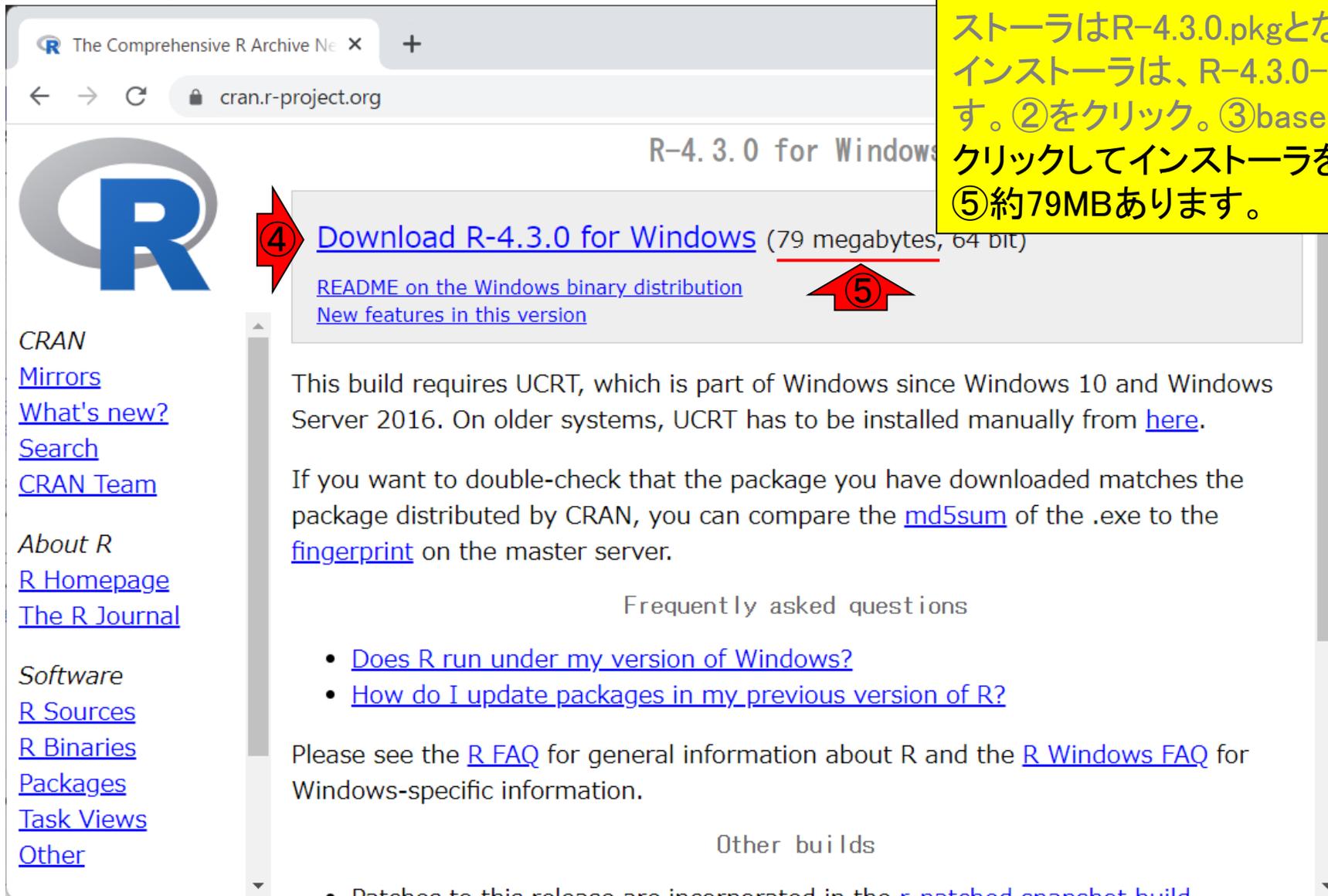
- [R Homepage](#)
- [The R Journal](#)

Software

- [R Sources](#)
- [R Binaries](#)
- [Packages](#)
- [Task Views](#)
- [Other](#)

R本体のインストール 3

①Macユーザはこちら。②Windowsユーザはこちら。2023年5月31日現在の最新バージョンは4.3.0。この場合、MacのインストーラはR-4.3.0.pkgとなり、Windowsのインストーラは、R-4.3.0-win.exeとなります。②をクリック。③baseをクリック。④をクリックしてインストーラをダウンロード。⑤約79MBあります。



The screenshot shows the CRAN website page for R-4.3.0 for Windows. The browser address bar shows 'cran.r-project.org'. The page title is 'R-4.3.0 for Windows'. The main content area features a large blue 'R' logo on the left. Below the logo is a navigation menu with links: 'CRAN', 'Mirrors', 'What's new?', 'Search', 'CRAN Team', 'About R', 'R Homepage', 'The R Journal', 'Software', 'R Sources', 'R Binaries', 'Packages', 'Task Views', and 'Other'. The main content area contains the following text: 'Download R-4.3.0 for Windows (79 megabytes, 64 bit)', 'README on the Windows binary distribution', and 'New features in this version'. Below this is a paragraph: 'This build requires UCRT, which is part of Windows since Windows 10 and Windows Server 2016. On older systems, UCRT has to be installed manually from here.' Another paragraph follows: 'If you want to double-check that the package you have downloaded matches the package distributed by CRAN, you can compare the md5sum of the .exe to the fingerprint on the master server.' Below this is a section titled 'Frequently asked questions' with two bullet points: 'Does R run under my version of Windows?' and 'How do I update packages in my previous version of R?'. At the bottom, there is a paragraph: 'Please see the R FAQ for general information about R and the R Windows FAQ for Windows-specific information.' and a section titled 'Other builds'.

④ [Download R-4.3.0 for Windows](#) (79 megabytes, 64 bit)

[README on the Windows binary distribution](#)

[New features in this version](#)

This build requires UCRT, which is part of Windows since Windows 10 and Windows Server 2016. On older systems, UCRT has to be installed manually from [here](#).

If you want to double-check that the package you have downloaded matches the package distributed by CRAN, you can compare the [md5sum](#) of the .exe to the [fingerprint](#) on the master server.

Frequently asked questions

- [Does R run under my version of Windows?](#)
- [How do I update packages in my previous version of R?](#)

Please see the [R FAQ](#) for general information about R and the [R Windows FAQ](#) for Windows-specific information.

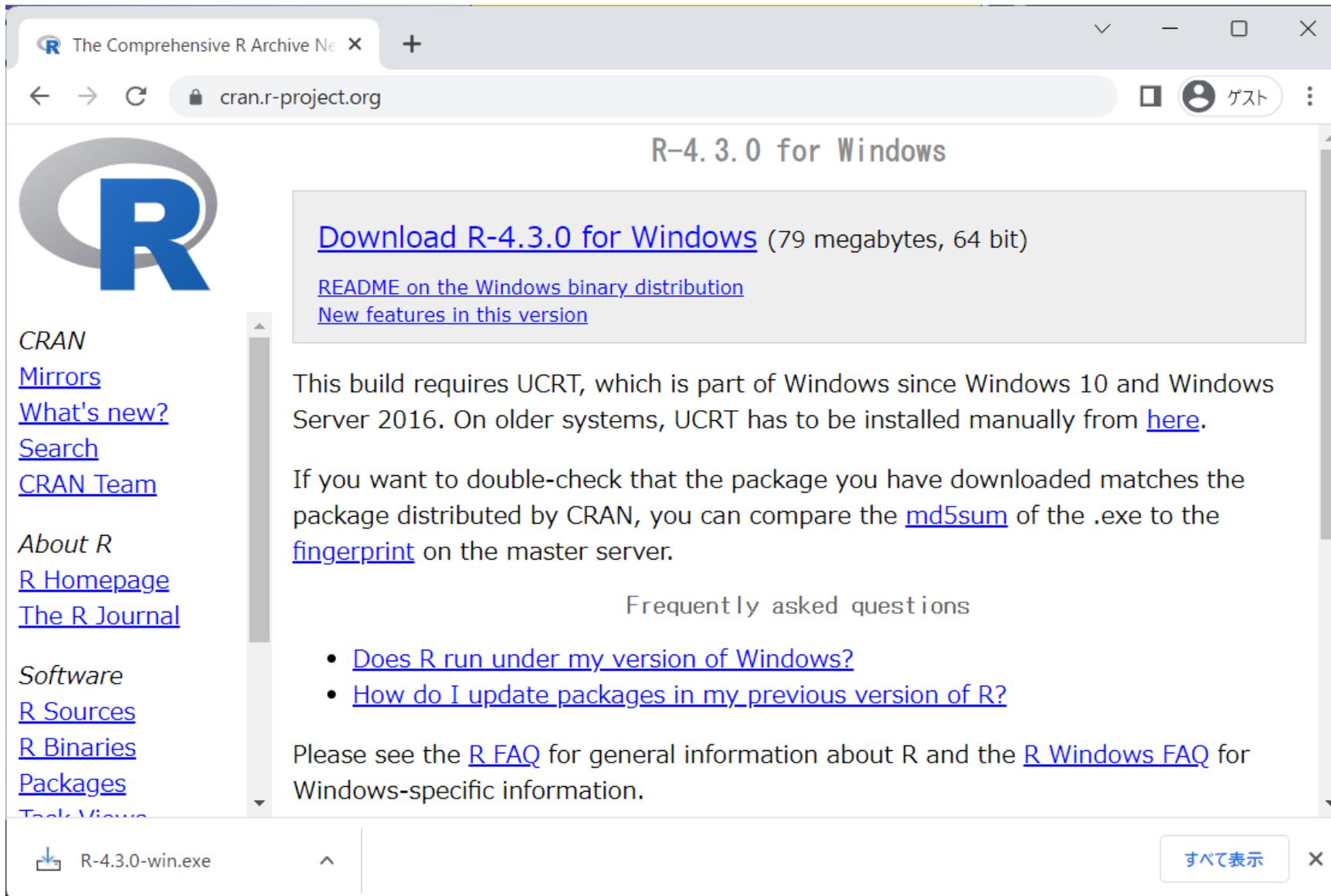
Other builds

R本体のインストール 4

①Macユーザはこちら。②Windowsユーザはこちら。2023年5月31日現在の最新バージョンは4.3.0。この場合、MacのインストーラはR-4.3.0.pkgとなり、Windowsのインストーラは、R-4.3.0-win.exeとなります。②をクリック。③baseをクリック。④をクリックしてインストーラをダウンロード。⑤約79MBあります。⑥ダウンロード中。ブラウザによって見え方が異なります。

The screenshot shows the CRAN website for R-4.3.0 for Windows. The browser address bar shows 'cran.r-project.org'. The page title is 'R-4.3.0 for Windows'. The main content area has a link 'Download R-4.3.0 for Windows (79 megabytes)'. Below this are links for 'README on the Windows binary distribution' and 'New features in this version'. The main text states: 'This build requires UCRT, which is part of Windows since Windows 10 and Windows Server 2016. On older systems, UCRT has to be installed manually from here.' It also mentions: 'If you want to double-check that the package you have downloaded matches the package distributed by CRAN, you can compare the md5sum of the .exe to the fingerprint on the master server.' There is a section for 'Frequently asked questions' with two links: 'Does R run under my version of Windows?' and 'How do I update packages in my previous version of R?'. At the bottom, there is a link to 'R FAQ' and 'R Windows FAQ'. A download bar at the bottom shows 'R-4.3.0-win.exe' with a progress indicator '0.4/78.1 MB、残り 11 分'. A red arrow with the number 6 points to the download button.

R本体のインストール 5



The screenshot shows a web browser window displaying the CRAN website for R-4.3.0 for Windows. The browser's address bar shows the URL `cran.r-project.org`. The page title is "R-4.3.0 for Windows". The main content area features a prominent blue link: [Download R-4.3.0 for Windows](#) (79 megabytes, 64 bit). Below this link are two more links: [README on the Windows binary distribution](#) and [New features in this version](#). The text below explains that this build requires UCRT, which is part of Windows since Windows 10 and Windows Server 2016. It also provides instructions on how to verify the downloaded package by comparing its md5sum to the fingerprint on the master server. A "Frequently asked questions" section follows, with two links: [Does R run under my version of Windows?](#) and [How do I update packages in my previous version of R?](#). At the bottom, there is a link to the [R FAQ](#) and the [R Windows FAQ](#). The browser's download bar at the bottom shows the file `R-4.3.0-win.exe` has been downloaded. A button labeled "すべて表示" (Show all) is visible in the bottom right corner of the browser window.

CRAN

- [Mirrors](#)
- [What's new?](#)
- [Search](#)
- [CRAN Team](#)

About R

- [R Homepage](#)
- [The R Journal](#)

Software

- [R Sources](#)
- [R Binaries](#)
- [Packages](#)
- [Task Views](#)

R-4.3.0 for Windows

[Download R-4.3.0 for Windows](#) (79 megabytes, 64 bit)

[README on the Windows binary distribution](#)

[New features in this version](#)

This build requires UCRT, which is part of Windows since Windows 10 and Windows Server 2016. On older systems, UCRT has to be installed manually from [here](#).

If you want to double-check that the package you have downloaded matches the package distributed by CRAN, you can compare the [md5sum](#) of the .exe to the [fingerprint](#) on the master server.

Frequently asked questions

- [Does R run under my version of Windows?](#)
- [How do I update packages in my previous version of R?](#)

Please see the [R FAQ](#) for general information about R and the [R Windows FAQ](#) for Windows-specific information.

R-4.3.0-win.exe

すべて表示

R本体のインストール 6

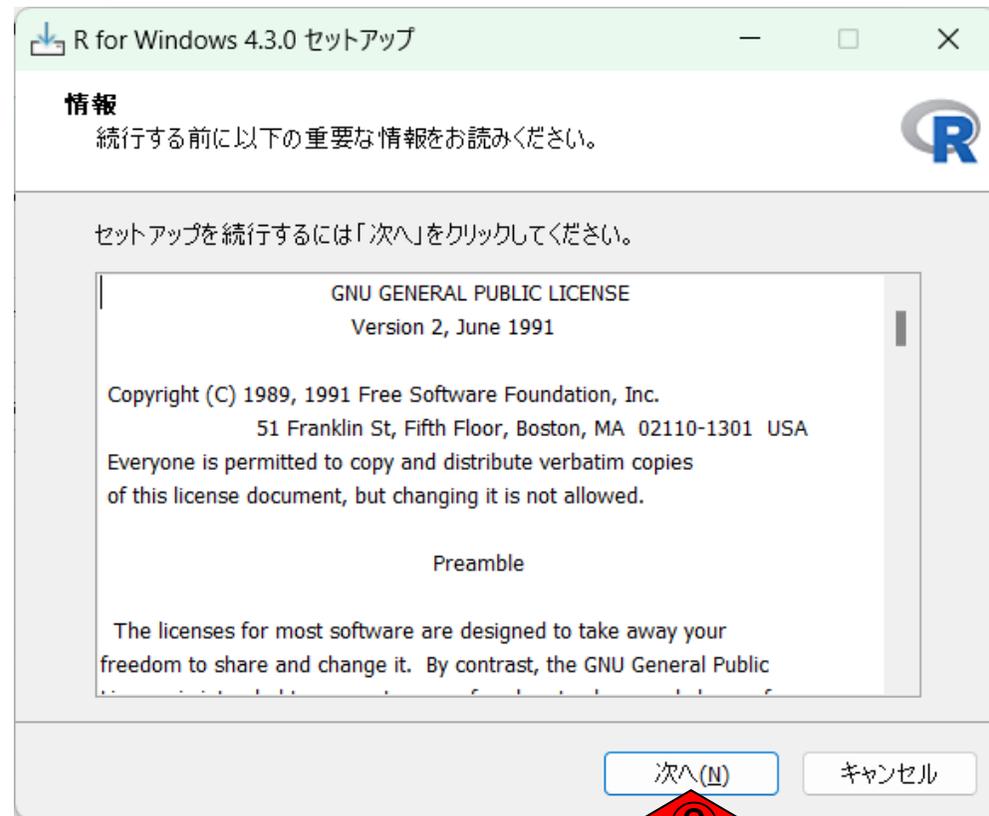
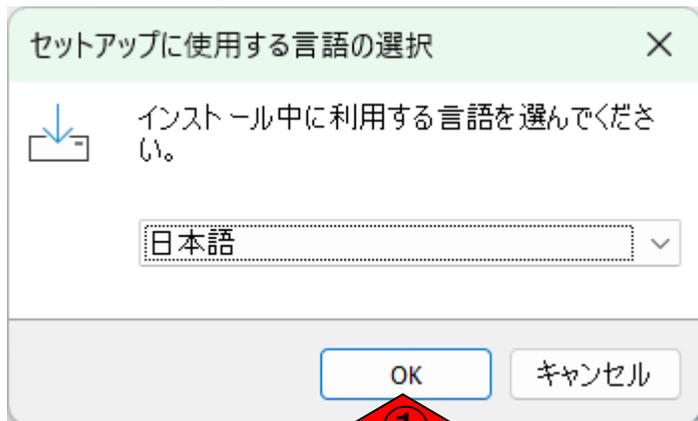
ダウンロードが無事完了した状態。①ダウンロード先のフォルダにある、②R-4.3.0-win.exeをダブルクリック。

The screenshot shows a web browser window displaying the CRAN website for R-4.3.0 for Windows. The page title is "R-4.3.0 for Windows" and the main heading is "Download R-4.3.0 for Windows (79 megabytes, 64 bit)". The browser address bar shows "cran.r-project.org".

Overlaid on the browser window is a Windows File Explorer window titled "ダウンロード" (Downloads). The address bar shows "ダウンロード" with a red arrow labeled "①" pointing to it. The file list shows one item: "R-4.3.0-win.exe" with a red arrow labeled "②" pointing to it. The file details are: 2023/05/31 12:17, 80,023 KB, and アプリケーション (Application).

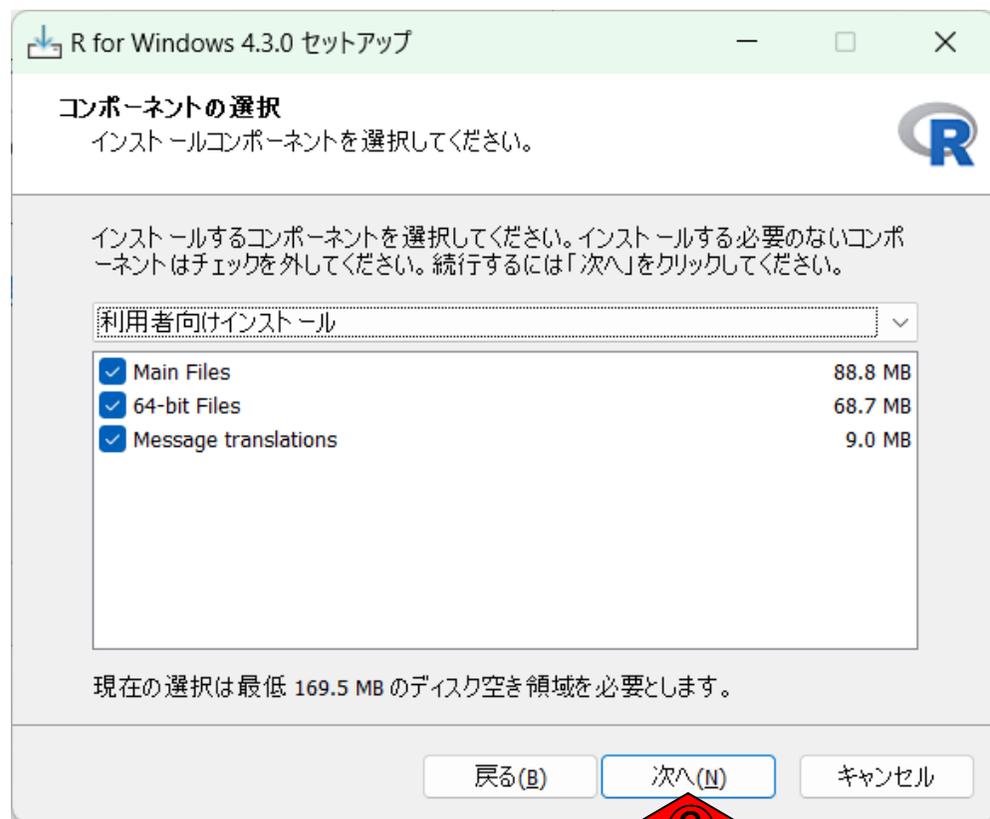
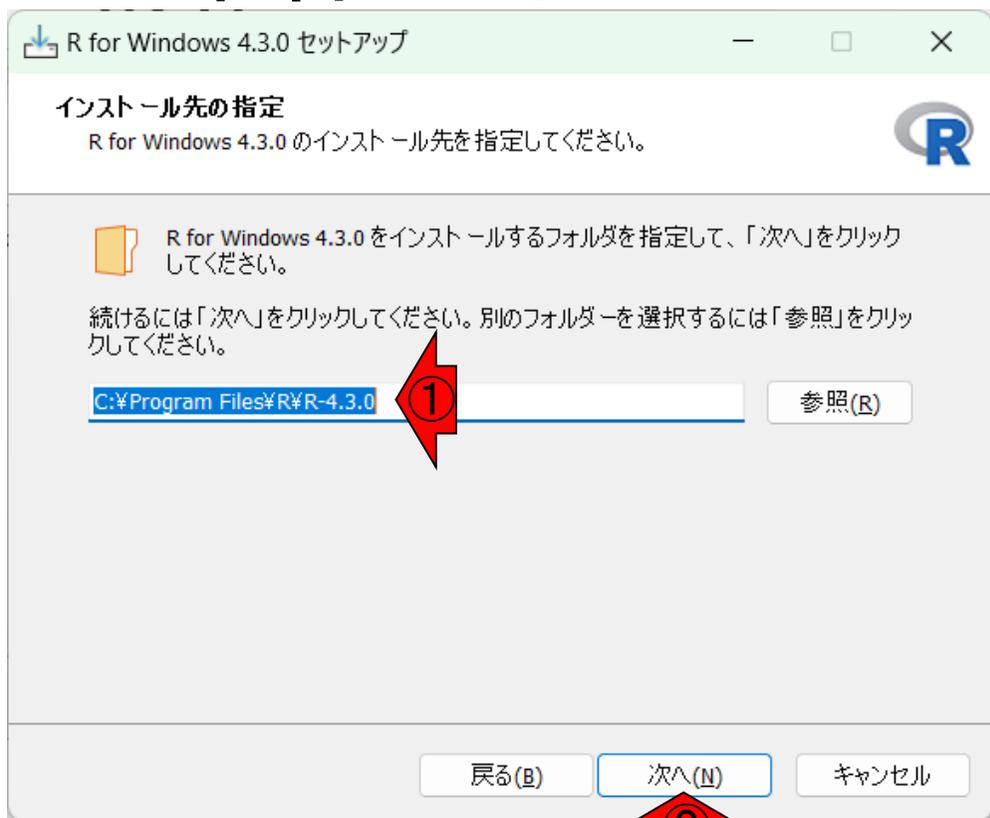
The browser window also shows the R logo and navigation links such as "CRAN Mirrors", "What's new?", "Search", "CRAN Team", "About R", "R Homepage", "The R Journal", "Software", "R Sources", "R Binaries", "Packages", and "Task Views".

R本体のインストール 7



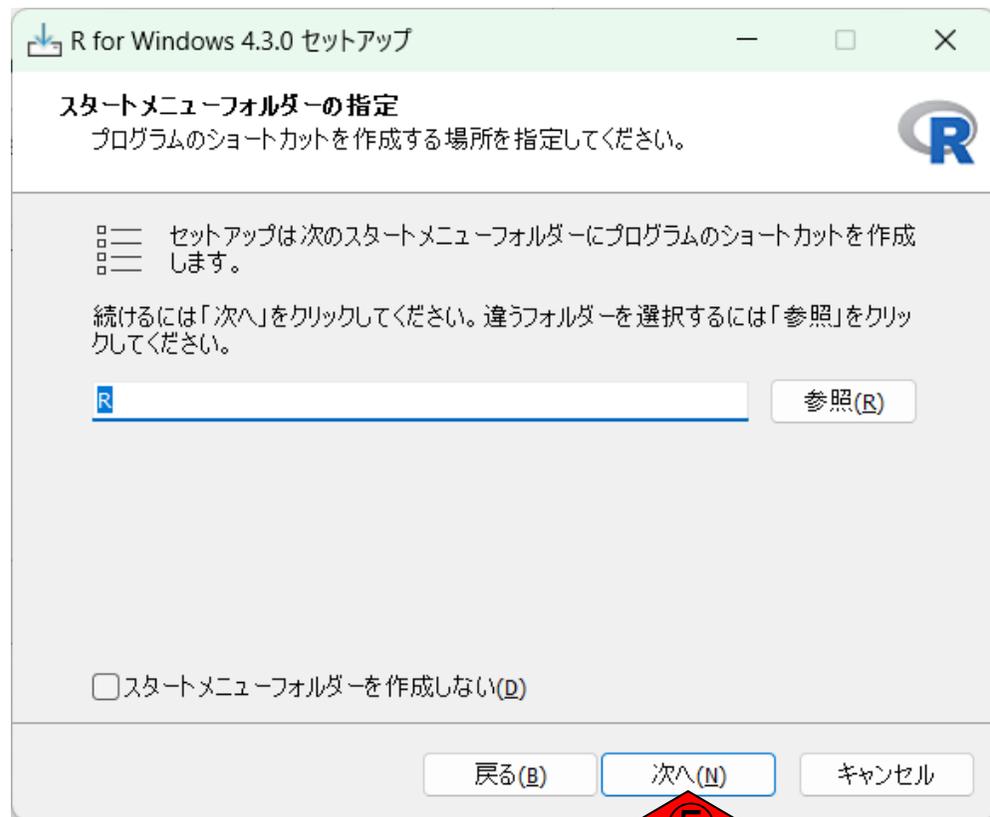
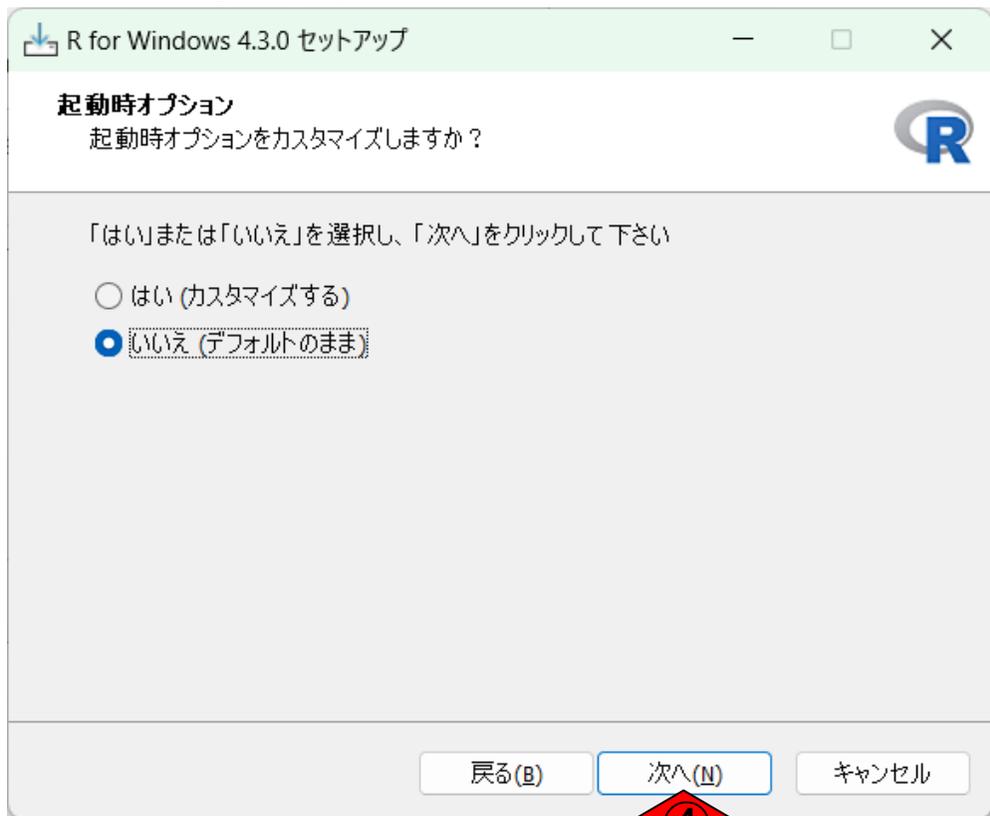
R本体のインストール 8

①デフォルトではここにインストールされます。②次へ。③次へ。



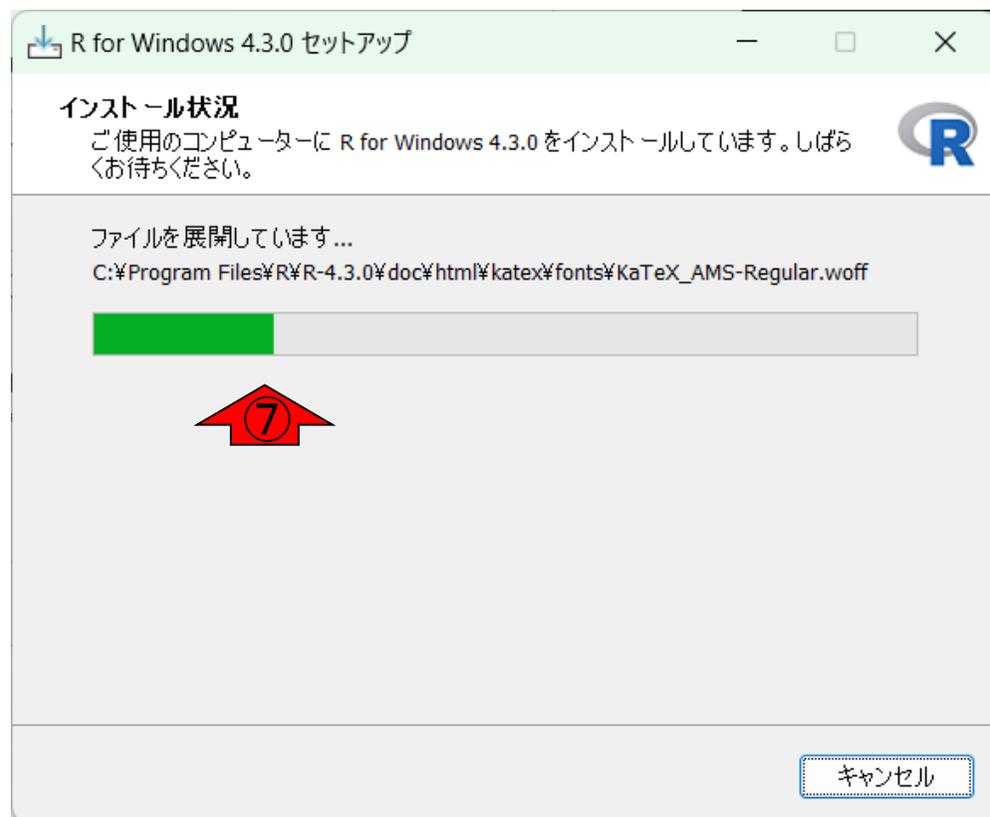
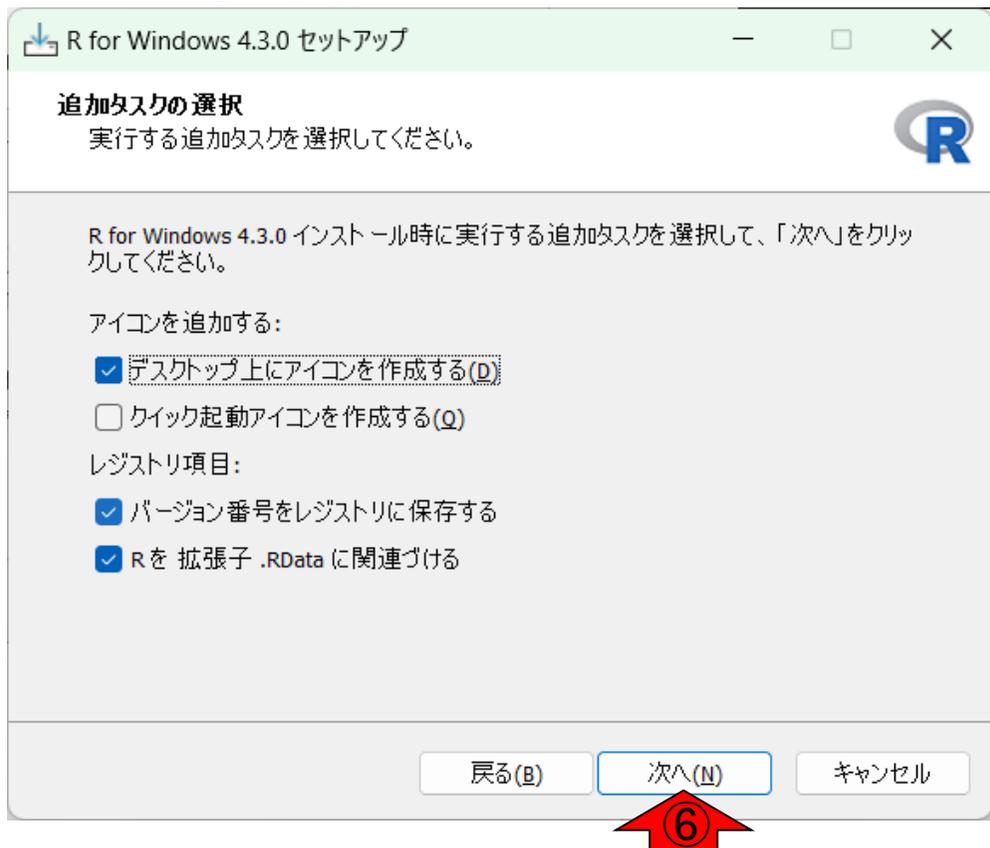
R本体のインストール 9

①デフォルトではここにインストールされます。②次へ。③次へ。④次へ。⑤次へ。



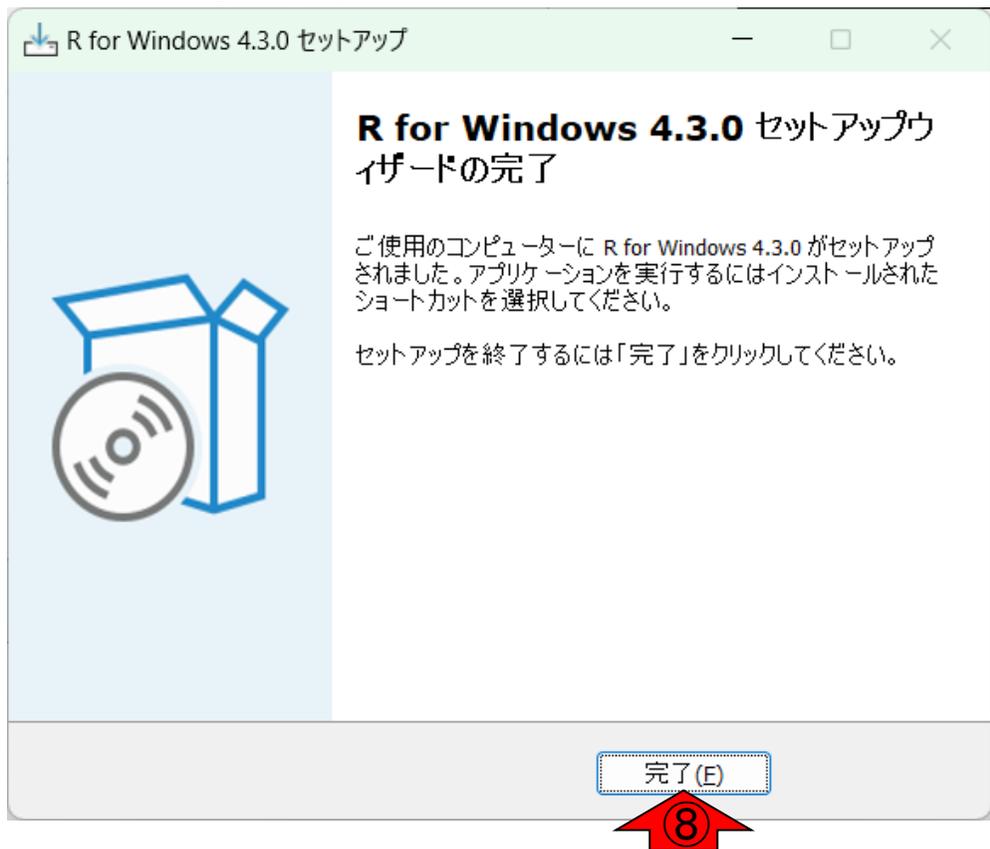
R本体のインストール 10

①デフォルトではここにインストールされます。②次へ。③次へ。④次へ。⑤次へ。⑥次へ。⑦インストール中。1分程度で終わります。



R本体のインストール 11

①デフォルトではここにインストールされます。②次へ。③次へ。④次へ。⑤次へ。⑥次へ。⑦インストール中。1分程度で終わります。⑧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(管理者として起動するのを忘れずに)
- Rパッケージ
 - CRANのパッケージのインストール
 - Bioconductorのパッケージのインストール
 - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

PC環境設定1

ファイルの拡張子を明示させる作業を行います。①のシステム画面は、検索窓で「設定」と打ち込めば見られます。

← 設定



システム



設定の検索



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2

ファイルの拡張子を明示させる作業を行います。①のシステム画面は、検索窓で「設定」と打ち込めば見られます。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

システム



DESKTOP-A6L1TFM

CFSV8-2L
名前の変更



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 >

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

PC環境設定3

ファイルの拡張子を明示させる作業を行います。①のシステム画面は、検索窓で「設定」と打ち込めば見られます。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



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

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



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4



エクスプローラーのオプション

全般 表示 検索

フォルダーの表示

この表示方法 (詳細表示やアイコンなど) をこの種類のフォルダーすべてに適用することができます。

フォルダーに適用(L) **フォルダーをリセット(R)**

詳細設定:

- ナビゲーションウィンドウ
 - この PC を表示
 - すべてのフォルダーを表示
 - ネットワークを表示
 - ライブラリの表示
 - 可用性の状態を常に表示します
 - 開いているフォルダーまで展開
- ファイルおよびフォルダー
 - ステータス バーを表示する
 - タイトル バーに完全なパスを表示する
 - チェックボックスを使用して項目を選択する
 - ドライブ文字を表示する
 - ファイルとフォルダーの表示

既定値に戻す(D)

OK キャンセル 適用(A)



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。

エクスプローラーのオプション

全般 表示 検索

フォルダーの表示

この表示方法 (詳細表示やアイコンなど) をこの種類のフォルダーすべてに適用することができます。

フォルダーに適用(L) **フォルダーをリセット(R)**

詳細設定:

- 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ー 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)
- 空のドライブは表示しない
- 項目間のスペースを減らす (コンパクト ビュー)
- 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
- 同期プロバイダーの通知を表示する
- 別のプロセスでフォルダー 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)



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(管理者として起動するのを忘れずに)
- Rパッケージ
 - CRANのパッケージのインストール
 - Bioconductorのパッケージのインストール
 - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

RStudioのインストール1

①RStudioの、②ダウンロードサイト。③
少しページ下部に移動。

The screenshot shows a web browser window with the URL `posit.co/download/rstudio-desktop/`. The page features the Posit logo and navigation menu at the top. The main heading is "RStudio Desktop". Below the heading is a paragraph of text describing the IDE. At the bottom of the page, the URL `https://posit.co/download/rstudio-desktop/` is displayed. Three red arrows with numbers 1, 2, and 3 point to specific elements: arrow 1 points to the "RStudio Desktop" text, arrow 2 points to the browser address bar, and arrow 3 points to the search icon in the top right corner.

DOWNLOAD

RStudio Desktop

Used by millions of people weekly, the RStudio integrated development environment (IDE) is a set of tools built to help you be more productive with R and Python.

<https://posit.co/download/rstudio-desktop/>

RStudioのインストール2

①RStudioの、②ダウンロードサイト。③少しページ下部に移動。さきほどR 4.2.2のインストールを完了させたので、④の作業は完了しています。Windowsのヒトは、⑤をクリックすればRStudioのインストールに進みます。RStudioは、R(とPython)のGUI強化版のような位置づけだという理解でよいです。Windows以外のOS用のものは、⑥もう少し下部にあります。

RStudio Desktop - Posit

posit.co/download/rstudio-desktop/

posit PRODUCTS SOLUTIONS LEARN & SUPPORT EXPLORE

1: Install R

RStudio requires R 3.3.0+. Choose a version of R that matches your computer's operating system.

DOWNLOAD AND INSTALL R

2: Install RStudio Desktop

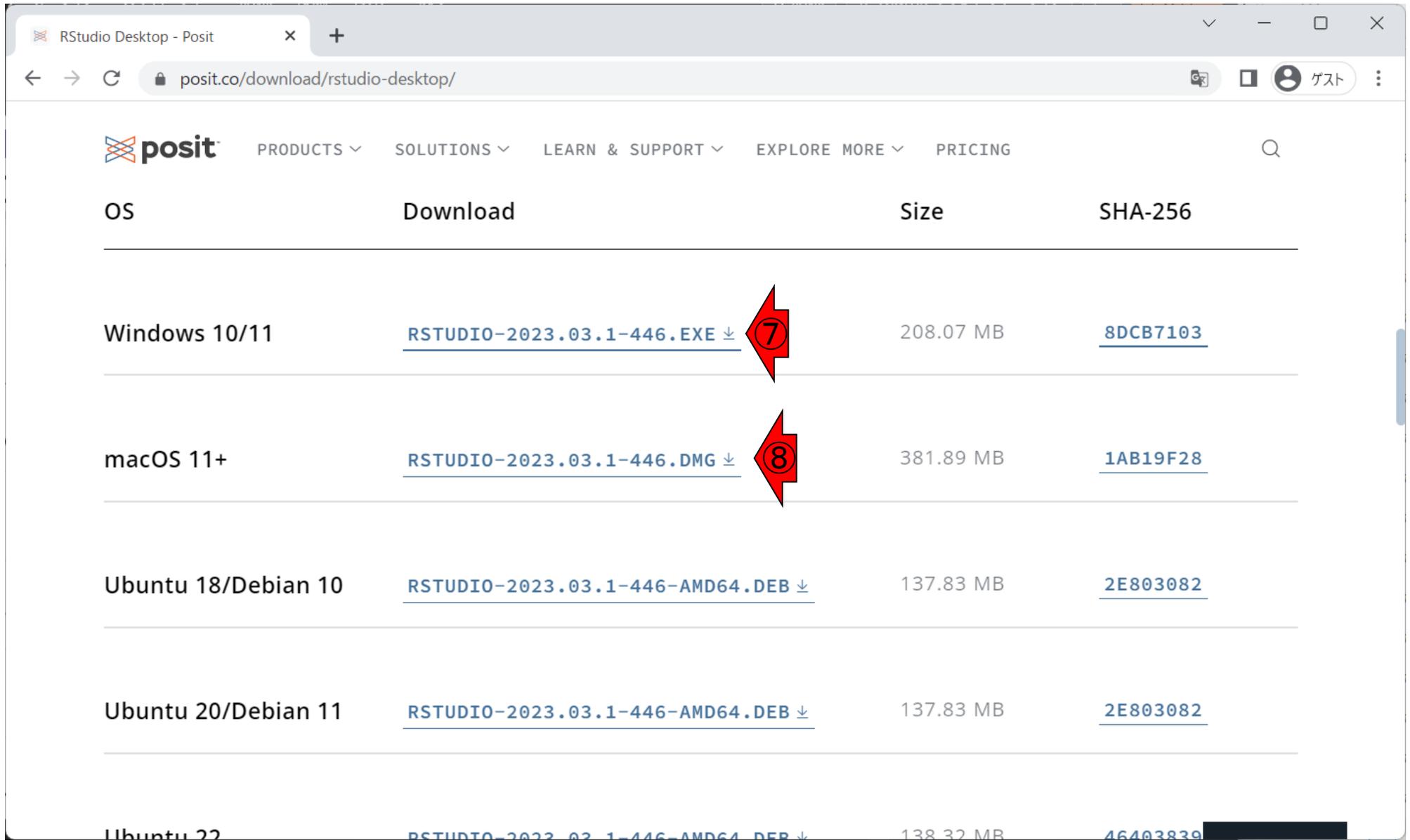
DOWNLOAD RSTUDIO DESKTOP FOR WINDOWS

Size: 208.07 MB | [SHA-256: 8DCB7103](#) | Version: 2023.03.1+446 | Released: 2023-05-12

All Installers and Tarballs

RStudioのインストール3

Windows用の⑦は、さきほどの⑤のリンク先と同じです。Macのヒトは⑧です。



OS	Download	Size	SHA-256
Windows 10/11	RSTUDIO-2023.03.1-446.EXE ⚡⑦	208.07 MB	8DCB7103
macOS 11+	RSTUDIO-2023.03.1-446.DMG ⚡⑧	381.89 MB	1AB19F28
Ubuntu 18/Debian 10	RSTUDIO-2023.03.1-446-AMD64.DEB	137.83 MB	2E803082
Ubuntu 20/Debian 11	RSTUDIO-2023.03.1-446-AMD64.DEB	137.83 MB	2E803082
Ubuntu 22	RSTUDIO-2023.03.1-446-AMD64.DEB	138.32 MB	46403839

RStudioのインストール4

Windows用の⑦は、さきほどの⑤のリンク先と同じです。Macのヒトは⑧です。⑦をクリックしてダウンロード中。

The screenshot shows the Posit website's download page for RStudio Desktop. The page has a navigation bar with the Posit logo and links for PRODUCTS, SOLUTIONS, LEARN & SUPPORT, EXPLORE MORE, and PRICING. Below the navigation is a table with columns for OS, Download, Size, and SHA-256. The table lists download links for Windows 10/11, macOS 11+, Ubuntu 18/Debian 10, and Ubuntu 20/Debian 11. A red arrow with the number 7 points to the Windows 10/11 download link. At the bottom, a download progress bar is visible, showing the file name 'RStudio-2023.03.1....exe' and the progress '23.5/198 MB, 残り 22 秒'.

OS	Download	Size	SHA-256
Windows 10/11	RSTUDIO-2023.03.1-446.EXE ↓	208.07 MB	8DCB7103
macOS 11+	RSTUDIO-2023.03.1-446.DMG ↓	381.89 MB	1AB19F28
Ubuntu 18/Debian 10	RSTUDIO-2023.03.1-446-AMD64.DEB ↓	137.83 MB	2E803082
Ubuntu 20/Debian 11	RSTUDIO-2023.03.1-446-AMD64.DEB ↓	137.83 MB	2E803082

https://download1.rstudio.org/electron/windows/RStudio-2023.03.1-446.exe

RStudio-2023.03.1....exe
23.5/198 MB, 残り 22 秒

すべて表示 ×

RStudioのインストール5

ダウンロードが完了したので、①クリックして実行。

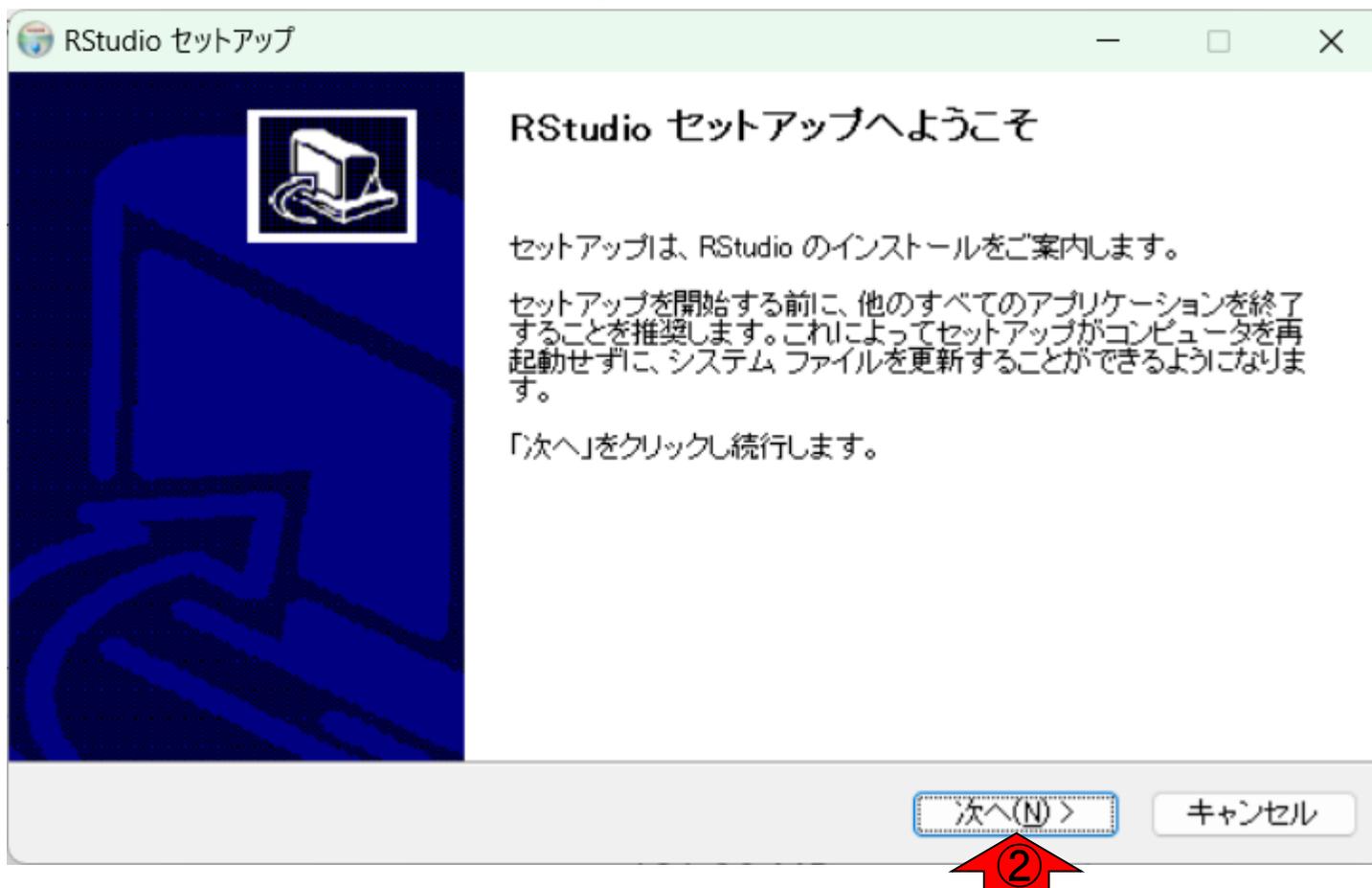
The screenshot shows the Posit website's download page for RStudio Desktop. The page has a navigation bar with the Posit logo and links for PRODUCTS, SOLUTIONS, LEARN & SUPPORT, EXPLORE MORE, and PRICING. Below the navigation bar is a table with four columns: OS, Download, Size, and SHA-256. The table lists download links for Windows 10/11, macOS 11+, Ubuntu 18/Debian 10, and Ubuntu 20/Debian 11. A red arrow with the number 1 points to the Windows download link.

OS	Download	Size	SHA-256
Windows 10/11	RSTUDIO-2023.03.1-446.EXE ↓	208.07 MB	8DCB7103
macOS 11+	RSTUDIO-2023.03.1-446.DMG ↓	381.89 MB	1AB19F28
Ubuntu 18/Debian 10	RSTUDIO-2023.03.1-446-AMD64.DEB ↓	137.83 MB	2E803082
Ubuntu 20/Debian 11	RSTUDIO-2023.03.1-446-AMD64.DEB ↓	137.83 MB	2E803082

The browser's taskbar at the bottom shows a file named "RStudio-2023.03.1....exe" with a red arrow and the number 1 pointing to it. A button labeled "すべて表示" (Show all) is visible in the bottom right corner of the browser window.

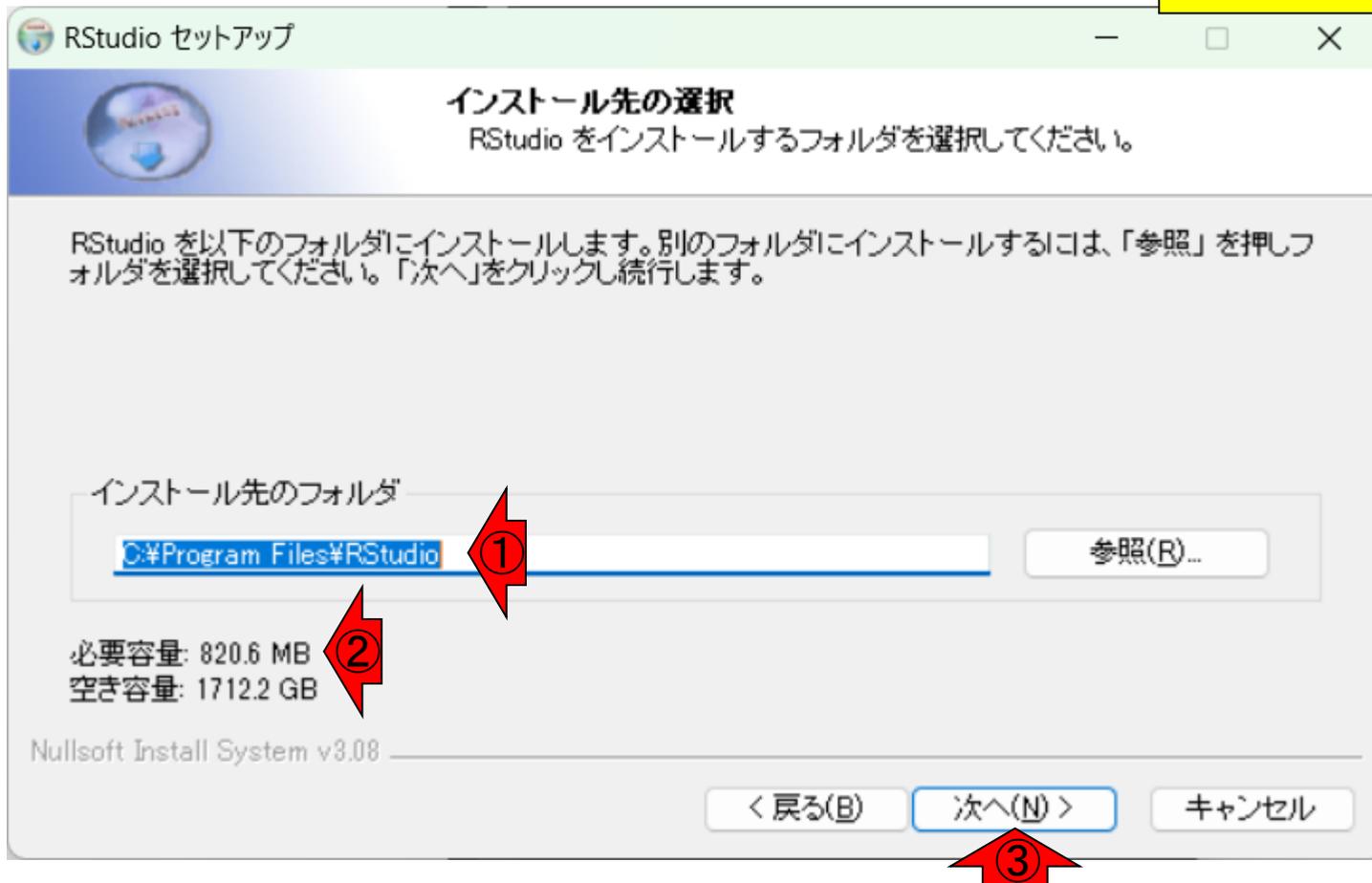
RStudioのインストール6

ダウンロードが完了したので、①クリックして実行。②次へ。



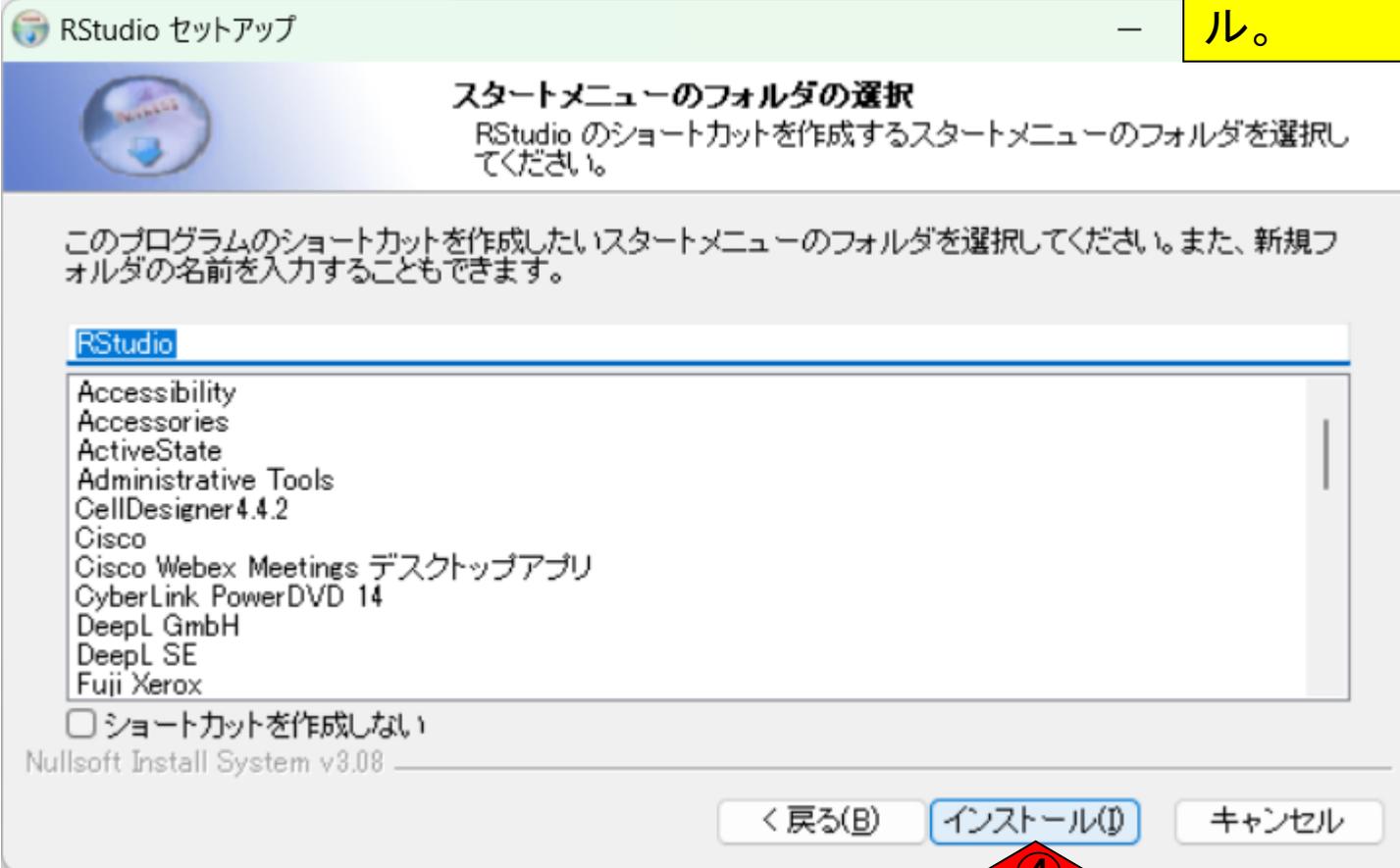
RStudioのインストール7

①ここにインストールされます。② RStudioのみで820.6 MBのディスク空き容量が必要です。③次へ。



RStudioのインストール8

①ここにインストールされます。②RStudioのみで820.6 MBのディスク空き容量が必要です。③次へ。④インストール。



RStudioのインストール9

①ここにインストールされます。②RStudioのみで820.6 MBのディスク空き容量が必要です。③次へ。④インストール。インストールスタート。約1分。



RStudioのインストール10

①ここにインストールされます。②RStudioのみで820.6 MBのディスク空き容量が必要です。③次へ。④インストール。インストールスタート。約1分。⑤完了。

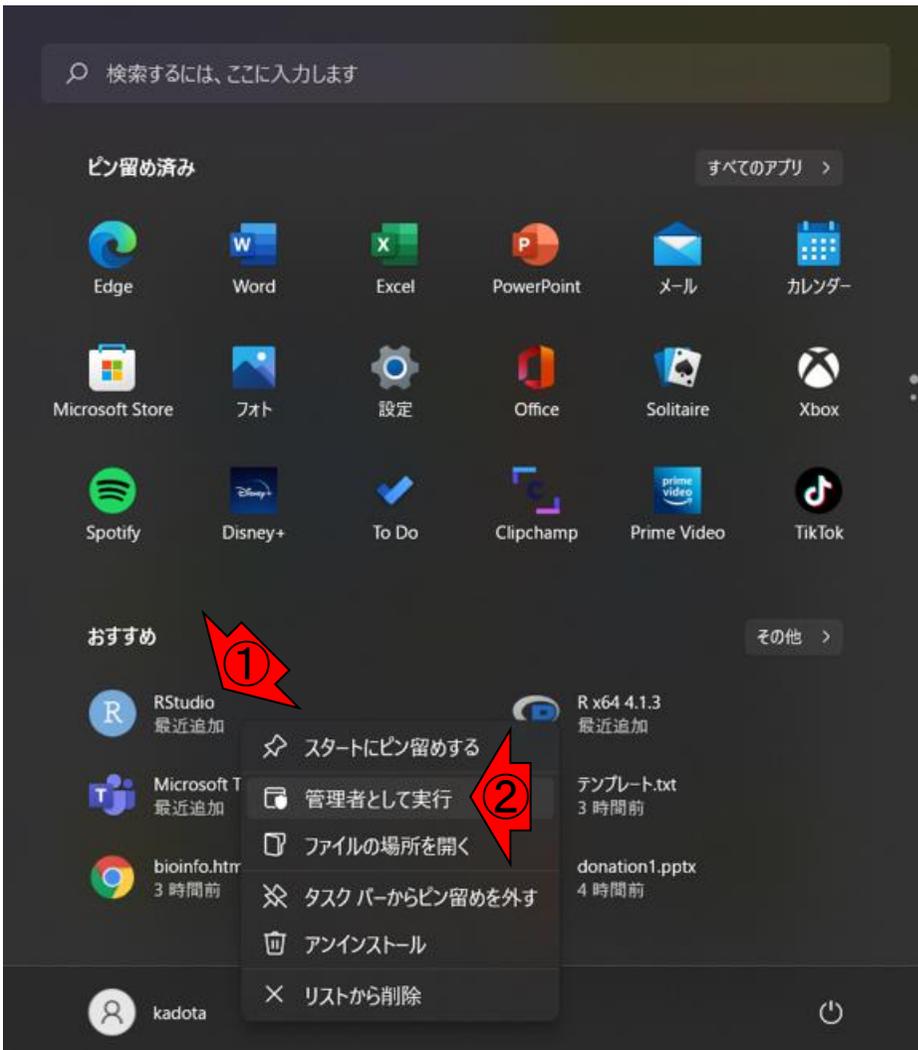


Contents

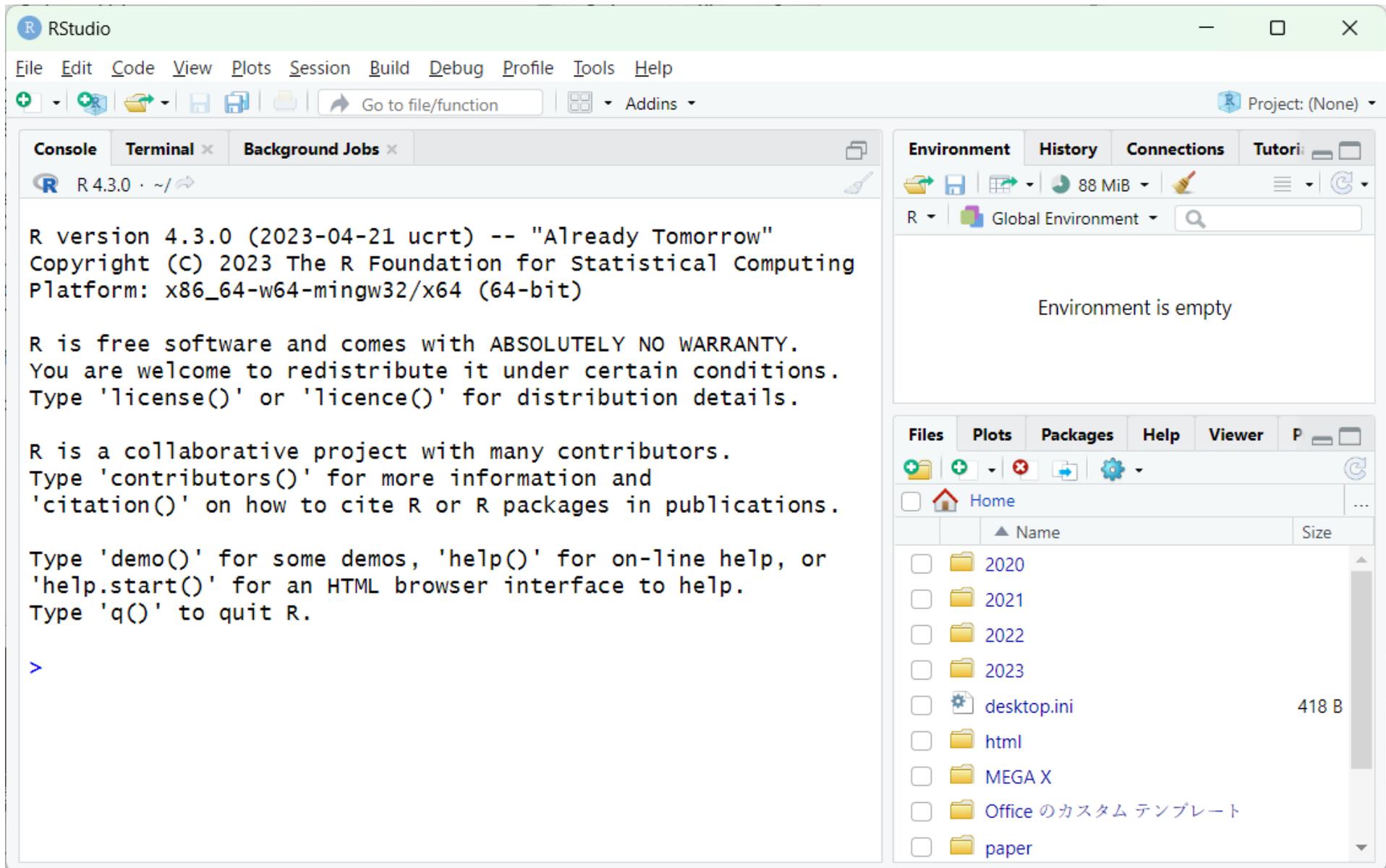
- 事前準備: 古いR情報の削除(任意)
- R本体のインストール
- PC環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了(管理者として起動するのを忘れずに)
- Rパッケージ
 - CRANのパッケージのインストール
 - Bioconductorのパッケージのインストール
 - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

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ためです。



RStudioの起動2



The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Console:** Displays the R version 4.3.0 startup message and a prompt for user input.
- Environment:** Shows the Global Environment, which is currently empty.
- Files:** Shows a file explorer view of the Home directory.

```
R version 4.3.0 (2023-04-21 ucrt) -- "Already Tomorrow"
Copyright (C) 2023 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
2020	
2021	
2022	
2023	
desktop.ini	418 B
html	
MEGA X	
Office のカスタム テンプレート	
paper	

RStudioの終了1

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 4.3.0 startup message and instructions. The environment pane on the right shows an empty global environment. The file explorer at the bottom right shows the home directory with various folders and files. A red arrow with the number 1 points to the close button (X) in the top right corner of the window.

```
R version 4.3.0 (2023-04-21 ucrt) -- "Already Tomorrow"
Copyright (C) 2023 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.

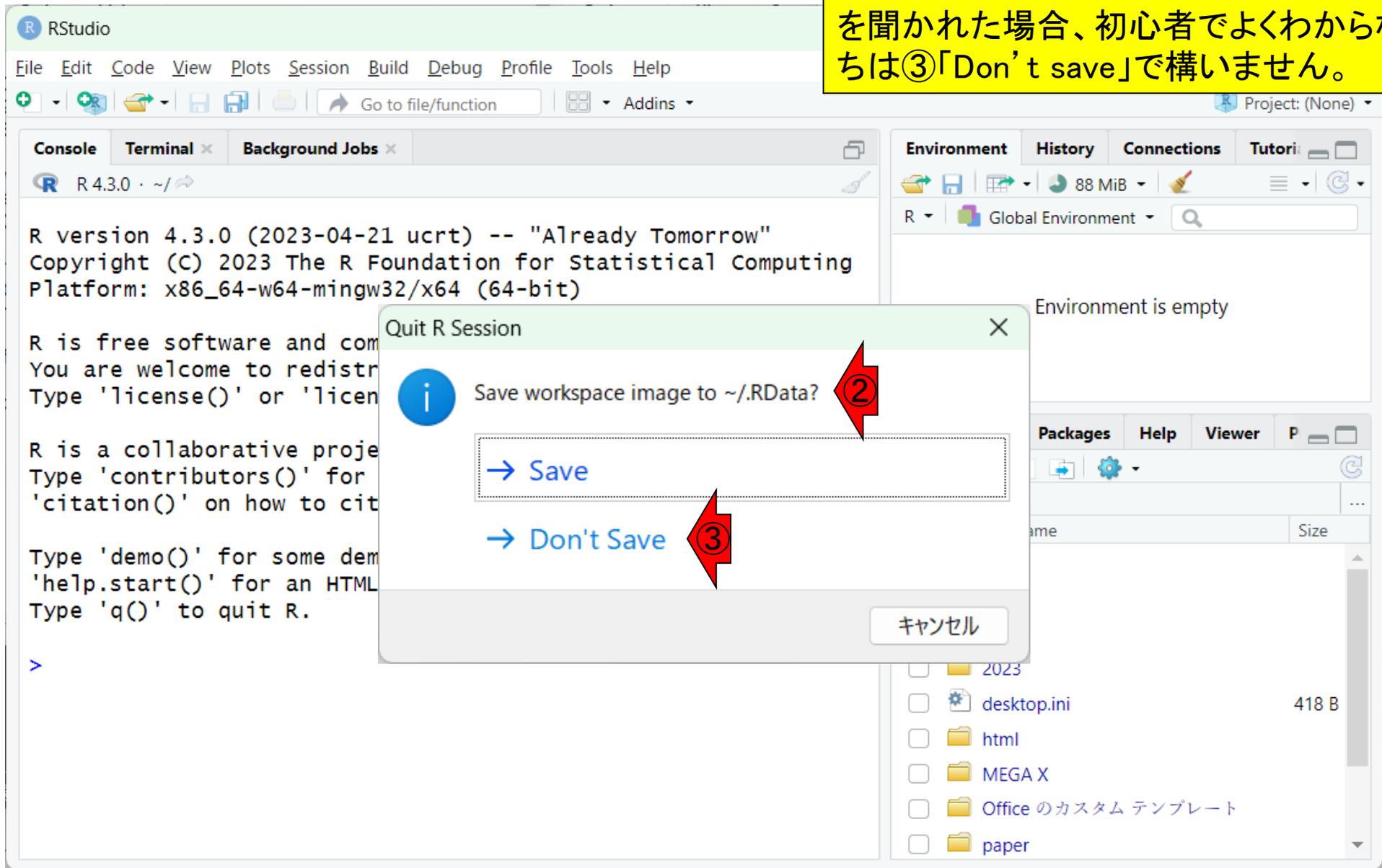
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

>
```

Name	Size
2020	
2021	
2022	
2023	
desktop.ini	418 B
html	
MEGA X	
Office のカスタム テンプレート	
paper	

RStudioの終了2

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。②「ワークスペースをSaveするか？」的なことを聞かれた場合、初心者でよくわからないうちは③「Don't save」で構いません。



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(管理者として起動するのを忘れずに)
- Rパッケージ
 - CRANのパッケージのインストール
 - Bioconductorのパッケージのインストール
 - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

Rパッケージ 1

- PC ⇔ ソフトウェア
 - ソフトウェアは予めインストールしておく
 - 利用したいときにダブルクリックで起動して利用
- RStudio(R含む) ⇔ パッケージ
 - パッケージは予めインストールしておく
 - 利用したいときにRStudio上でロードして利用

PCを購入しただけではほとんど何もできないため、通常我々は様々なソフトウェアをPCにインストールしておき、使用時のみ起動して利用します。それと同様に、RとRStudioをインストールしただけでは、できることが限られています。そのため、世の中に数万以上存在するRパッケージの中から、利用する可能性のあるパッケージをRStudio上にインストールしておき、利用したいときに当該パッケージをロードして利用します。

Rパッケージ 2

- PC ⇔ ソフトウェア
 - ソフトウェアは予めインストールしておく
 - 利用したいときにダブルクリックで起動して利用
- RStudio(R含む) ⇔ パッケージ
 - パッケージは予めインストールしておく
 - 利用したいときにRStudio上でロードして利用
- Rパッケージのリポジトリ(提供元)
 - CRAN(<https://cran.r-project.org/>)
 - Bioconductor(<https://www.bioconductor.org/>)

PCを購入しただけではほとんど何もできないため、通常我々は様々なソフトウェアをPCにインストールしておき、使用時のみ起動して利用します。それと同様に、RとRStudioをインストールしただけでは、できることが限られています。そのため、世の中に数万以上存在するRパッケージの中から、利用する可能性のあるパッケージをRStudio上にインストールしておき、利用したいときに当該パッケージをロードして利用します。**パッケージ提供元として最も包括的なのはCRAN、生命科学系に特化したものがBioconductorという位置づけになります。したがって、特にパッケージ提供元を明示せずに「xxxというパッケージを利用しますのでインストールしておいて下さい。」的な指示があった場合、まず最初に試すのは、CRAN上で提供されていることを想定したやり方になります。本当は統一的なやり方とかいろいろあるのですが、ここでは初心者にとってやりやすいと思われる手段を解説します。**

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(管理者として起動するのを忘れずに)
- Rパッケージ
 - CRANのパッケージのインストール
 - Bioconductorのパッケージのインストール
 - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

CRANのパッケージ 1

① Packagesタブをアクティブにした状態。赤枠内の見栄えはヒトそれぞれです。

The screenshot shows the RStudio interface. The console on the left displays the R version 4.3.0 startup message and instructions. The right-hand pane shows the 'Packages' tab, which is highlighted with a red arrow and a circled '1'. Below the 'Packages' tab, a table titled 'System Library' is visible, containing a list of installed and available packages. The table has columns for 'Name', 'Description', and 'Ve...'. The 'base' package is checked, while others like 'boot', 'class', 'cluster', and 'codet...' are unchecked. A red box highlights the entire 'System Library' table area.

```
R version 4.3.0 (2023-04-21 ucrt) -- "Already Tomorrow"
Copyright (C) 2023 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.

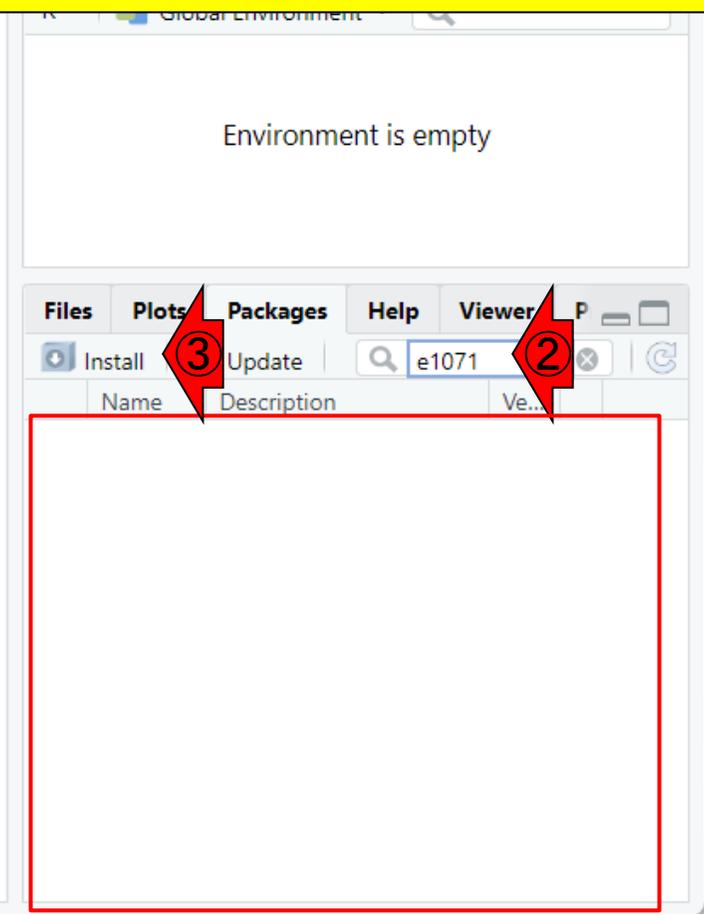
>
```

Name	Description	Ve...
<input checked="" type="checkbox"/> base	The R Base Package	4.3.0
<input type="checkbox"/> boot	Bootstrap Functions (Originally by Angelo Canty for S)	1.3- 28.1
<input type="checkbox"/> class	Functions for Classification	7.3- 21
<input type="checkbox"/> cluster	"Finding Groups in Data": Cluster Analysis Extended Rousseeuw et al.	2.1.4
<input type="checkbox"/> codet...	Code Analysis Tools for R	0.2- 1.0

CRANのパッケージ 2

① Packagesタブをアクティブにした状態。赤枠内の見栄えはヒトそれぞれです。ここでは、機械学習系として有名なe1071という名前のパッケージのインストールを試みます。②の検索窓でe1071と入力し赤枠内に何も表示されていなければ、当該パッケージがこのPC上にはまだインストールされていないと判断します。③Install。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.3.0 · ~/
R version 4.3.0 (2023-04-21 ucrt) -- "Already Tomorrow"
Copyright (C) 2023 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.
> |
```



CRANのパッケージ 3

こんな感じになります。④がどこからインストールするかを指定するところです。もしここがスクショのようにPackage Archive Fileとなっている場合は、④をクリックして…

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Project: (None)

Environment History Connections Tutori

158 MiB

R Global Environment

Environment is empty

Install Packages

Install from:
Package Archive File (.zip; .tar.gz) ④

Package archive:
Browse...

Install to Library:
C:/Program Files/R/R-4.3.0/library [Default]

Install Cancel

R version 4.3.0 (2023-04-21 ucrt) -- "Already Tomorrow"
Copyright (C) 2023 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32

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.

> |

CRANのパッケージ 4

こんな感じになります。④がどこからインストールするかを指定するところです。もしここがスクショのようにPackage Archive Fileとなっている場合は、④をクリックして、⑤でみているRepository (CRAN)に切り替えてください。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal Background Jobs

R 4.3.0 · ~/

R version 4.3.0 (2023-04-21 ucrt) -- "Already Tomorrow"
Copyright (C) 2023 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32

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 Tutori

158 MiB

R Global Environment

Environment is empty

Install Packages

Install from:

Package Archive File (.zip; .tar.gz)

Repository (CRAN)

Package Archive File (.zip; .tar.gz)

Browse...

Install to Library:

C:/Program Files/R/R-4.3.0/library [Default]

Install Cancel

Update e1071

Description Ve...

CRANのパッケージ 5

こんな感じになります。④がどこからインストールするかを指定するところです。もしここがスクショのようにPackage Archive Fileとなっている場合は、④をクリックして、⑤でみているRepository (CRAN)に切り替えてください。⑥のようになればOKです。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal Background Jobs

R 4.3.0 · ~/

R version 4.3.0 (2023-04-21 ucrt) -- "Already Tomorrow"
Copyright (C) 2023 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32

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 Tutori

158 MiB

R Global Environment

Environment is empty

Install Packages

Install from: [? Configuring Repositories](#)

Repository (CRAN)

Packages (separate multiple with space or comma):

Install to Library: C:/Program Files/R/R-4.3.0/library [Default]

Install dependencies

Install Cancel

CRANのパッケージ 6

⑦の部分でインストールしたいパッケージ名を入力します。画面は「e」まで入力した状態ですが、「e」から始まる候補がリストアップされていることがわかります。目的の⑧ e1071を選択して…

The screenshot shows the RStudio interface with the 'Install Packages' dialog box open. The 'Install from' dropdown is set to 'Repository (CRAN)'. The 'Packages (separate multiple with space or comma):' input field contains the letter 'e'. Below the input field, a list of package suggestions is displayed, with 'e1071' highlighted. Two red arrows point to the input field (labeled 7) and the highlighted package name (labeled 8). The background shows the RStudio console with the R version 4.3.0 startup message and the Environment pane showing 'Global Environment'.

CRANのパッケージ 7

⑦の部分でインストールしたいパッケージ名を入力します。画面は「e」まで入力した状態ですが、「e」から始まる候補がリストアップされていることがわかります。目的の⑧ e1071を選択して、⑨Install。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal Background Jobs

R 4.3.0 · ~/

R version 4.3.0 (2023-04-21 ucrt) -- "Already Tomorrow"
Copyright (C) 2023 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32

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 and many thanks go to the 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.

> |

Install Packages

Install from: [? Configuring Repositories](#)

Repository (CRAN)

Packages (separate multiple with space or comma):
e1071

Install to Library:
C:/Program Files/R/R-4.3.0/library [Default]

Install dependencies

Install Cancel

Environment History Connections Tutori

158 MiB

Global Environment

Environment is empty

Update e1071

Description Ve...

CRANのパッケージ 8

⑦の部分でインストールしたいパッケージ名を入力します。画面は「e」まで入力した状態ですが、「e」から始まる候補がリストアップされていることがわかります。目的の⑧ e1071を選択して、⑨Install。すぐに⑩のようなコマンドが自動的に入力され、当該パッケージのインストールが始まります。さきほどの「③Installを押してから⑧e1071を選択して⑨Installボタンを押す」までの作業は、⑩のコマンド入力と同じ意味をもちます。

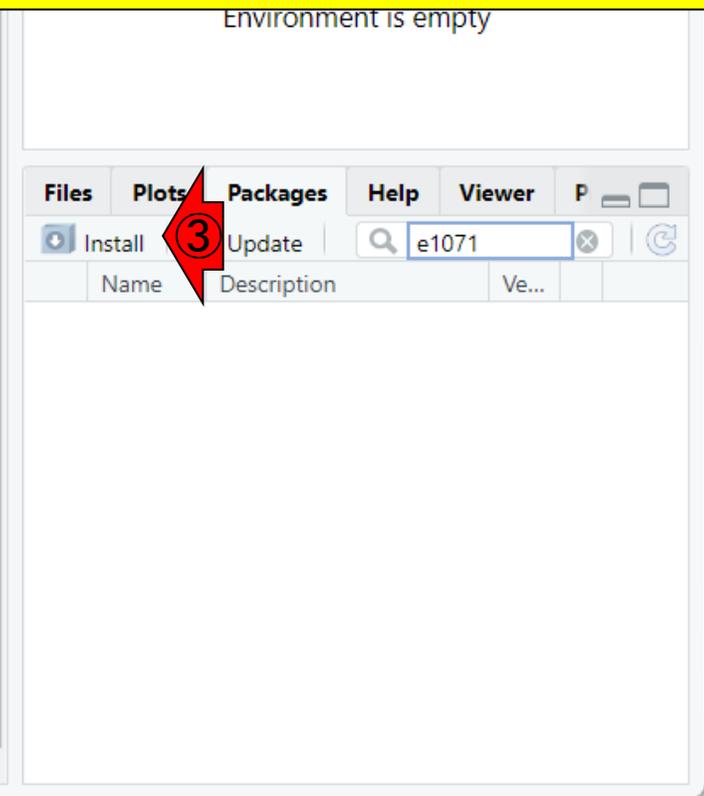
```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.3.0 ~/\
g
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

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.

> install.packages("e1071")
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/
依存対象 (dependency) 'proxy' もインストールします
```



CRANのパッケージ 9

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins Project: (None)

Console Terminal Background Jobs

```
R 4.3.0 ~/>
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/
依存対象 (dependency) 'proxy' もインストールします

trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.3/proxy_0.4-27.zip'
Content type 'application/zip' length 179520 bytes (175 KB)
downloaded 175 KB

trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.3/e1071_1.7-13.zip'
Content type 'application/zip' length 652988 bytes (637 KB)
downloaded 637 KB

パッケージ 'proxy' は無事に展開され、MD5 サムもチェックされました
パッケージ 'e1071' 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\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpiK312H\downloaded_packages
>
```

Environment History Connections Tutori

168 MiB

R Global Environment

Environment is empty

Files Plots Packages Help Viewer P

Install Update e1071

	Name	Description	Ve...	
<input type="checkbox"/>	e1071	Misc Functions of the Department of Statistics, Probability Theory Group (Formerly: E1071), TU Wien	1.7-13	⊕ ⊗

CRANのパッケージ 10

インストール完了後の状態。赤枠の① Console画面内をざっと眺めて、エラーメッセージっぽいものがないければ問題ありません。②でもさきほどインストール完了したe1071が③Name列に表示されており、④そのバージョンは1.7-13なのだということがわかります。実際にe1071を用いて解析を行った結果をまとめる際には、④そのバージョン情報も忘れずに記載するようにしましょう。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.3.0 ~/\
WARNING: Rtools is required to build R packages but is not
urrently installed. Please download and install the appropriate
ersion of Rtools before proceeding:
https://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/
依存対象 (dependency) 'proxy' もインストールします
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.
3/proxy_0.4-27.zip'
Content type 'application/zip' length 179520 bytes (175 KB)
downloaded 175 KB
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.
3/e1071_1.7-13.zip'
Content type 'application/zip' length 652988 bytes (637 KB)
downloaded 637 KB
パッケージ 'proxy' は無事に展開され、MD5 サムもチェックされました
パッケージ 'e1071' 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\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpiK312H\downloaded_packages
> |
```

Environment is empty

Files	Plots	Packages	Help	Viewer	P
		Update		e1071	
Name	Description	Ve...			
<input type="checkbox"/> e1071	Misc Functions of the Department of Statistics, Probability Theory Group (Formerly: E1071), TU Wien	1.7-13			

CRANのパッケージ 11

インストール完了後の状態。赤枠の① Console画面内をざっと眺めて、エラーメッセージっぽいものがないかなければ問題ありません。②でもさきほどインストール完了したe1071が③Name列に表示されており、④そのバージョンは1.7-13なのだということがわかります。実際にe1071を用いて解析を行った結果をまとめる際には、④そのバージョン情報も忘れずに記載するようにしましょう。⑤e1071のCRANのURLです。⑥バージョンは、確かに1.7-13であることがわかります。

CRAN - Package e1071

cran.r-project.org/web/packages/e1071/index.html

e1071: Misc Functions of the Department of Statistics, Probability Theory G
Functions for latent class analysis, short time Fourier transform, fuzzy clustering, support
computation, bagged clustering, naive Bayes classifier, generalized k-nearest neighbor

Version: 1.7-13

Imports: graphics, rDevices, [class](#), stats, methods, utils, [proxy](#)

Suggests: [cluster](#), [mlbench](#), [nnet](#), [randomForest](#), [rpart](#), [SparseM](#), [xtable](#), [Ma](#)

Published: 2023-02-01

Author: David Meyer [aut, cre], Evgenia Dimitriadou [aut, cph], Kurt Hornik [aut], Andreas Weingessel [aut], Friedrich Leisch [aut], Chih-Chung Chang [ctb, cph] (libsvm C++-code), Chih-Chen Lin [ctb, cph] (libsvm C++-code)

Maintainer: David Meyer <David.Meyer at R-project.org>

License: [GPL-2](#) | [GPL-3](#)

NeedsCompilation: yes

Materials: [NEWS](#)

In views: [Cluster](#), [Distributions](#), [Environmetrics](#), [MachineLearning](#), [Psychometrics](#)

CRAN checks: [e1071 results](#)

Documentation:

Reference manual: [e1071.pdf](#)

Vignettes: [Support Vector Machines—the Interface to libsvm in package e1071](#)
[svm\(\).internals](#)

<https://CRAN.R-project.org/package=e1071>

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(管理者として起動するのを忘れずに)
- Rパッケージ
 - CRANのパッケージのインストール
 - Bioconductorのパッケージのインストール
 - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

Bioconductorの... 1

次に、①Bioconductorで提供されているパッケージのインストール手順を、②Biostringsを例として説明します。

Bioconductor - Biostrings

bioconductor.org/packages/release/bioc/html/Biostrings.html

Bioconductor
OPEN SOURCE SOFTWARE FOR BIOINFORMATICS

Home Install Help Developers About

Search:

Home » Bioconductor 3.17 » Software Packages » Biostrings

Biostrings

platforms all rank 10 / 2229 support 0 / 5 in Bioc > 18 years
build warnings updated < 1 month dependencies 17

DOI: [10.18129/B9.bioc.Biostrings](https://doi.org/10.18129/B9.bioc.Biostrings)

Efficient manipulation of biological strings

Bioconductor version: Release (3.17)

Memory efficient string containers, string matching algorithms, and other utilities, for fast manipulation of large biological sequences or sets of sequences.

Author: Hervé Pagès [aut, cre], Patrick Aboyoun [aut], Robert Gentleman [aut], Saikat DebRoy [aut], Vince Carey [ctb], Nicolas Delhomme [ctb], Felix Ernst [ctb], Aidan Lakshman [ctb], Kieran O'Neill [ctb], Valerie Obenchain [ctb], Marcel Ramos [ctb], Albert Vill [ctb], Erik Wright [ctb]

Maintainer: Hervé Pagès <hpages.on.github at gmail.com>

Citation (from within R, enter `citation("Biostrings")`):

Pagès H, Aboyoun P, Gentleman R, DebRoy S (2023). *Biostrings: Efficient manipulation of biological strings*. R package version 2.68.1, <https://bioconductor.org/packages/Biostrings>.

Documentation »

Bioconductor

- Package [vignettes](#) and manuals.
- [Workflows](#) for learning and use.
- Several [online books](#) for comprehensive coverage of a particular research field, biological question, or technology.
- [Course and conference](#) material.
- [Videos](#).
- Community [resources](#) and [tutorials](#).

R / [CRAN](#) packages and [documentation](#)

Support »

Please read the [posting guide](#). Post questions about Bioconductor to one of the following locations:

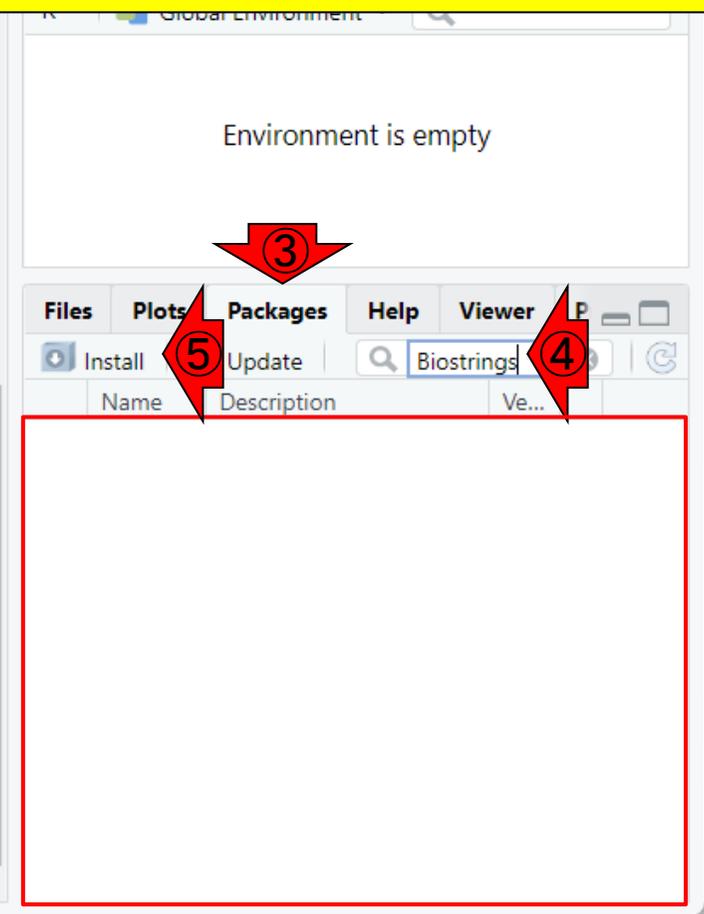
- [Support site](#) - for questions about Bioconductor packages
- [Bioc-devel](#) mailing list - for package developers

<https://bioconductor.org/packages/Biostrings>

Bioconductorの... 2

次に、①Bioconductorで提供されているパッケージのインストール手順を、②qrqcを例として説明します。まずは、③Packagesタブ上で、④Biostringsと打ち込んで、赤枠内に何も表示されない(i.e., インストールされていない)ことを確認しています。念のため、⑤Installを押して、さきほどのCRANからはインストールできないことを確認します。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.3.0 ~/\
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/
依存対象 (dependency) 'proxy' もインストールします
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.3/proxy_0.4-27.zip'
Content type 'application/zip' length 179520 bytes (175 KB)
downloaded 175 KB
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.3/e1071_1.7-13.zip'
Content type 'application/zip' length 652988 bytes (637 KB)
downloaded 637 KB
パッケージ 'proxy' は無事に展開され、MD5 サムもチェックされました
パッケージ 'e1071' 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\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpiK312H\downloaded_packages
>
```



Bioconductorの... 3

①デフォルトのCRANのまま、②Biosまで打ち込んだ状態。候補の中にBiostringsがリストアップされていない段階で結果が予想できませんが...

The screenshot shows the RStudio interface with the 'Install Packages' dialog box open. The 'Install from:' dropdown is set to 'Repository (CRAN)' (marked with a red arrow and '1'). The 'Packages' list contains 'Bios' (marked with a red arrow and '2') and other bioconductor packages. The console shows a warning about Rtools and the installation progress of 'proxy' and 'e1071'.

Console output:

```
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/installer/latest-ucrt.exe
依存対象 (dependency) 'proxy' は無事に展開されました
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/installer/latest-ucrt.exe'
Content type 'application/x-gzip'
downloaded 175 KB
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/installer/latest-ucrt.exe'
Content type 'application/x-gzip'
downloaded 637 KB
パッケージ 'proxy' は無事に展開されました
パッケージ 'e1071' は無事に展開されました
ダウンロードされたパッケージは、以下にインストールされました:
C:\Users\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpiK312H\downloaded_packages
```

Bioconductorの... 4

①デフォルトのCRANのまま、②Biosまで打ち込んだ状態。候補の中にBiostringsがリストアップされていない段階で結果が予想できますが、③Biostringsまで打ち込んだ状態で、④Install。

The screenshot shows the RStudio interface with the 'Install Packages' dialog box open. The dialog box has the following fields and options:

- Install from:** Repository (CRAN)
- Packages (separate multiple with space or comma):** Biostrings (with a red arrow and circled '3' pointing to it)
- Install to Library:** C:/Program Files/R/R-4.3.0/library [Default]
- Install dependencies
- Buttons:** Install (with a red arrow and circled '4' pointing to it) and Cancel

The console window shows the following output:

```
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/installer/latest-win32.exe
依存対象 (dependency) 'proxy' は無事に展開されました
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/installer/latest-win32.exe'
Content type 'application/x-zip-compressed'
downloaded 175 KB
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/installer/latest-win32.exe'
Content type 'application/x-zip-compressed'
downloaded 637 KB
パッケージ 'proxy' は無事に展開されました
パッケージ 'e1071' 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\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpiK312H\downloaded_packages
>
```

Bioconductorの... 5

⑤のコマンドが実行されますが、⑥でもnot availableと書かれていることから、そして⑦赤枠内に何の変化がないことからわかるように、このやり方ではBioconductorパッケージのインストールはできません。

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

```
R 4.3.0 ~/  
Content type 'application/zip' length 652988 bytes (637 KB)  
downloaded 637 KB  
  
パッケージ 'proxy' は無事に展開され、MD5 サムもチェックされました  
パッケージ 'e1071' 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\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpiK312H\downloaded_packages  
> install.packages("Biostrings")  
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/  
Warning in install.packages :  
package 'Biostrings' is not available for this version of R  
  
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  
> |
```

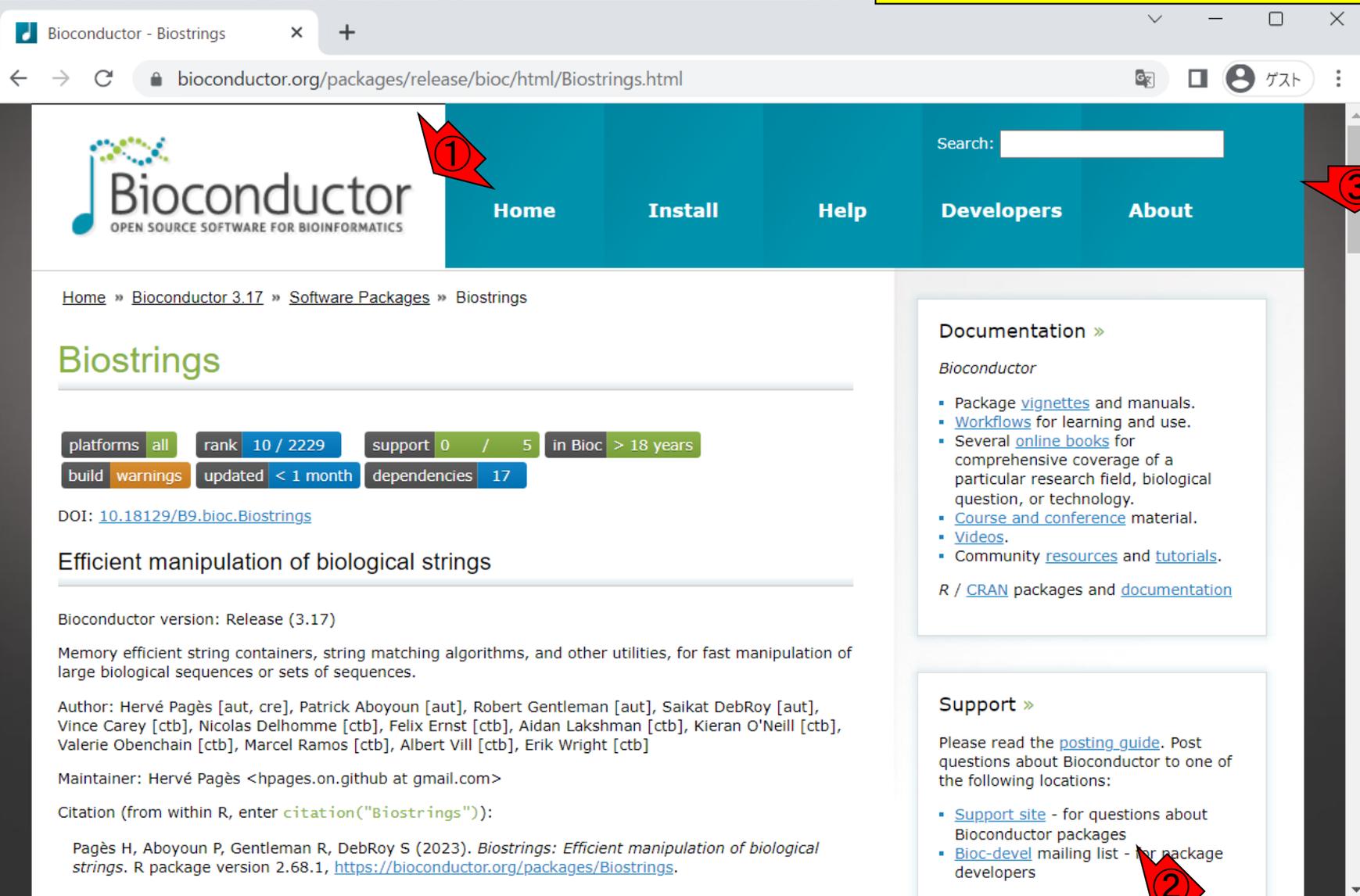
The environment pane on the right shows "Global Environment" and "Environment is empty". The Packages pane at the bottom shows "Biostrings" with "Install" and "Update" buttons. A red box highlights the Packages pane, and a red arrow points to the "Biostrings" entry.

Red arrows with circled numbers point to specific elements:

- ⑤: Points to the `install.packages("Biostrings")` command in the console.
- ⑥: Points to the warning message "package 'Biostrings' is not available for this version of R".
- ⑦: Points to the empty Packages pane.

Bioconductorの... 6

①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。



Bioconductor - Biostrings

bioconductor.org/packages/release/bioc/html/Biostrings.html

Bioconductor
OPEN SOURCE SOFTWARE FOR BIOINFORMATICS

Home Install Help Developers About

Search:

Home » Bioconductor 3.17 » Software Packages » Biostrings

Biostrings

platforms all rank 10 / 2229 support 0 / 5 in Bioc > 18 years
build warnings updated < 1 month dependencies 17

DOI: [10.18129/B9.bioc.Biostrings](https://doi.org/10.18129/B9.bioc.Biostrings)

Efficient manipulation of biological strings

Bioconductor version: Release (3.17)

Memory efficient string containers, string matching algorithms, and other utilities, for fast manipulation of large biological sequences or sets of sequences.

Author: Hervé Pagès [aut, cre], Patrick Aboyoun [aut], Robert Gentleman [aut], Saikat DebRoy [aut], Vince Carey [ctb], Nicolas Delhomme [ctb], Felix Ernst [ctb], Aidan Lakshman [ctb], Kieran O'Neill [ctb], Valerie Obenchain [ctb], Marcel Ramos [ctb], Albert Vill [ctb], Erik Wright [ctb]

Maintainer: Hervé Pagès <hpages.on.github at gmail.com>

Citation (from within R, enter `citation("Biostrings")`):

Pagès H, Aboyoun P, Gentleman R, DebRoy S (2023). *Biostrings: Efficient manipulation of biological strings*. R package version 2.68.1, <https://bioconductor.org/packages/Biostrings>.

Documentation »

Bioconductor

- Package [vignettes](#) and manuals.
- [Workflows](#) for learning and use.
- Several [online books](#) for comprehensive coverage of a particular research field, biological question, or technology.
- [Course and conference](#) material.
- [Videos](#).
- Community [resources](#) and [tutorials](#).

R / [CRAN](#) packages and [documentation](#)

Support »

Please read the [posting guide](#). Post questions about Bioconductor to one of the following locations:

- [Support site](#) - for questions about Bioconductor packages
- [Bioc-devel](#) mailing list - for package developers

<https://bioconductor.org/packages/Biostrings>

Bioconductorの... 7

①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④Installationのところでは。

Bioconductor - Biostrings

x +

bioconductor.org/packages/release/bioc/html/Biostrings.html

Memory efficient string containers, string matching algorithms, and other utilities, for fast manipulation of large biological sequences or sets of sequences.

Author: Hervé Pagès [aut, cre], Patrick Aboyoun [aut], Robert Gentleman [aut], Saikat DebRoy [aut], Vince Carey [ctb], Nicolas Delhomme [ctb], Felix Ernst [ctb], Aidan Lakshman [ctb], Kieran O'Neill [ctb], Valerie Obenchain [ctb], Marcel Ramos [ctb], Albert Vill [ctb], Erik Wright [ctb]

Maintainer: Hervé Pagès <hpages.on.github at gmail.com>

Citation (from within R, enter `citation("Biostrings")`):

Pagès H, Aboyoun P, Gentleman R, DebRoy S (2023). *Biostrings: Efficient manipulation of biological strings*. R package version 2.68.1, <https://bioconductor.org/packages/Biostrings>.

Installation

To install this package, start R (version "4.3") and enter:

```
if (!require("BiocManager", quietly = TRUE))
  install.packages("BiocManager")

BiocManager::install("Biostrings")
```

For older versions of R, please refer to the appropriate [Bioconductor release](#).

Documentation

To view documentation for the version of this package installed in your system, start R and enter:

```
browseVignettes("Biostrings")
```

PDF	R Script	A short presentation of the basic classes defined in Biostrings 2
PDF		Biostrings Quick Overview
PDF	R Script	Handling probe sequence information
PDF	R Script	Multiple Alignments

Support »

Please read the [posting guide](#). Post questions about Bioconductor to one of the following locations:

- [Support site](#) - for questions about Bioconductor packages
- [Bioc-devel](#) mailing list - for package developers

Bioconductorの... 7

①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④Installationのところです。⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、Rを起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。この意味するところは…

Bioconductor - Biostrings x +
← → ↻ 🔒 bioconductor.org/packages/release/bioc/html/Biostrings.html

Memory efficient string containers, string matching algorithms, and other utilities, for fast manipulation of large biological sequences or sets of sequences.

Author: Hervé Pagès [aut, cre], Patrick Aboyoun [aut], Robert Gentleman [aut], Saikat DebRoy [aut], Vince Carey [ctb], Nicolas Delhomme [ctb], Felix Ernst [ctb], Aidan Lakshman [ctb], Kieran O'Neill [ctb], Valerie Obenchain [ctb], Marcel Ramos [ctb], Albert Vill [ctb], Erik Wright [ctb]

Maintainer: Hervé Pagès <hpages.on.github at gmail.com>

Citation (from within R, enter `citation("Biostrings")`):

Pagès H, Aboyoun P, Gentleman R, DebRoy S (2023). *Biostrings: Efficient manipulation of biological strings*. R package version 2.68.1, <https://bioconductor.org/packages/Biostrings>.

Installation

To install this package, start R (version "4.3") and enter:

```
if (!require("BiocManager", quietly = TRUE))  
  install.packages("BiocManager")  
  
BiocManager::install("Biostrings")
```

For older versions of R, please refer to the appropriate [Bioconductor release](#).

Documentation

To view documentation for the version of this package installed in your system, start R and enter:

```
browseVignettes("Biostrings")
```

PDF	R Script	A short presentation of the basic classes defined in Biostrings 2
PDF		Biostrings Quick Overview
PDF	R Script	Handling probe sequence information
PDF	R Script	Multiple Alignments

Please read the [posting guide](#). Post questions about Bioconductor to one of the following locations:

- [Support site](#) - for questions about Bioconductor packages
- [Bioc-devel](#) mailing list - for package developers

Bioconductorの... 8

①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④Installationのところです。⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、Rを起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。この意味するところは、反転させた⑥のコマンドをコピーして

...

questions about Bioconductor to one of the following locations:

- [Support site](#) - for questions about Bioconductor packages
- [Bioc-devel](#) mailing list - for package developers

Bioconductor - Biostrings

x +

bioconductor.org/packages/release/bioc/html/Biostrings.html

Memory efficient string containers, string matching algorithms, and other utilities, for fast manipulation of large biological sequences or sets of sequences.

Author: Hervé Pagès [aut, cre], Patrick Aboyoun [aut], Robert Gentleman [aut], Saikat DebRoy [aut], Vince Carey [ctb], Nicolas Delhomme [ctb], Felix Ernst [ctb], Aidan Lakshman [ctb], Kieran O'Neill [ctb], Valerie Obenchain [ctb], Marcel Ramos [ctb], Albert Vill [ctb], Erik Wright [ctb]

Maintainer: Hervé Pagès <hpages.on.github at gmail.com>

Citation (from within R, enter `citation("Biostrings")`):

Pagès H, Aboyoun P, Gentleman R, DebRoy S (2023). *Biostrings: Efficient manipulation of biological strings*. R package version 2.68.1, <https://bioconductor.org/packages/Biostrings>.

Installation

To install this package, start R (version "4.3") and enter:

```
if (!require("BiocManager", quietly = TRUE))
  install.packages("BiocManager")
BiocManager::install("Biostrings")
```



For older versions of R, please refer to the appropriate [Bioconductor release](#).

Documentation

To view documentation for the version of this package installed in your system, start R and enter:

```
browseVignettes("Biostrings")
```

PDF	R Script	A short presentation of the basic classes defined in Biostrings 2
PDF		Biostrings Quick Overview
PDF	R Script	Handling probe sequence information
PDF	R Script	Multiple Alignments

Bioconductorの... 9

①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④Installationのところです。⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、Rを起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。この意味するところは、反転させた⑥のコマンドをコピーして、⑦Console画面の赤枠内でペーストせよ、ということです。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.3.0 ~/\
Content type 'application/zip' length 652988 bytes (637 KB)
downloaded 637 KB

パッケージ 'proxy' は無事に展開され、MD5 サムもチェックされました
パッケージ 'e1071' 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\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpiK312H\downloaded_packages
> install.packages("Biostrings")
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/
Warning in install.packages :
  package 'Biostrings' is not available for this version of R

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
> |
```

Environment is empty

Files	Plots	Packages	Help	Viewer
Install	Update	Biostrings		
Name	Description	V...		

Bioconductorの... 10

①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④Installationのところです。⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、Rを起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。この意味するところは、反転させた⑥のコマンドをコピーして、⑦Console画面の赤枠内でペーストせよ、ということです。⑧Edit、⑨Paste。

The screenshot shows the RStudio interface. The 'Edit' menu is open, and the 'Paste' option is highlighted with a red arrow labeled '9'. A red arrow labeled '8' points to the 'Edit' menu item. The console window shows the following text:

```
package 'Biostrings' is not available for this version of R
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
```

The screenshot shows the RStudio interface. The 'Packages' pane is visible, and 'Biostrings' is selected. The console window shows the following text:

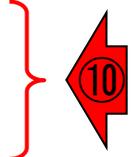
```
Environment is empty
```

Name	Description	V...
Biostrings		

Bioconductorの... 11

①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④Installationのところです。⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、Rを起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。この意味するところは、反転させた⑥のコマンドをコピーして、⑦Console画面の赤枠内でペーストせよ、ということです。⑧Edit、⑨Paste。⑩こんな感じになるので、リターンキーを押して実行。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.3.0 ~/\
パッケージ 'proxy' は無事に展開され、MD5 サムもチェックされました
パッケージ 'e1071' 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\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpiK312H\downloaded_packages
> install.packages("Biostrings")
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/
Warning in install.packages :
package 'Biostrings' is not available for this version of R
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
> if (!require("BiocManager", quietly = TRUE))
  install.packages("BiocManager")
BiocManager::install("Biostrings")
```



Environment is empty

Files	Plots	Packages	Help	Viewer
Install	Update			
Name	Description	V...		
System Library				
<input checked="" type="checkbox"/>	base	The R Base Package	4.3.0	
<input type="checkbox"/>	boot	Bootstrap Functions (Originally by Angelo Canty for S)	1.3-28.1	⊕ ⊗
<input type="checkbox"/>	class	Functions for Classification	7.3-21	⊕ ⊗
<input type="checkbox"/>	cluster	"Finding Groups in Data": Cluster Analysis Extended Rousseeuw et al.	2.1.4	⊕ ⊗
<input type="checkbox"/>	codet...	Code Analysis Tools for R	0.2-10	⊕ ⊗

Bioconductorの... 12

①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④Installationのところです。⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、Rを起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。この意味するところは、反転させた⑥のコマンドをコピーして、⑦Console画面の赤枠内でペーストせよ、ということです。⑧Edit、⑨Paste。⑩こんな感じになるので、リターンキーを押して実行。こんな感じでインストールが始まります。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.3.0 ~/
> install.packages("Biostrings")
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/
Warning in install.packages :
  package 'Biostrings' is not available for this version of R

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
#Installing-packages
> if (!require("BiocManager", quietly = TRUE))
+   install.packages("BiocManager")
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/
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.3/BiocManager_1.30.20.zip'
|
```

Files	Plots	Packages	Help	Viewer
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Install	Update			
Name	Description	V...		
System Library				
<input checked="" type="checkbox"/>	base	The R Base Package	4.3.0	
<input type="checkbox"/>	boot	Bootstrap Functions (Originally by Angelo Canty for S)	1.3- 28.1	<input type="checkbox"/>
<input type="checkbox"/>	class	Functions for Classification	7.3- 21	<input type="checkbox"/>
<input type="checkbox"/>	cluster	"Finding Groups in Data": Cluster Analysis Extended Rousseeuw et al.	2.1.4	<input type="checkbox"/>
<input type="checkbox"/>	codet...	Code Analysis Tools for R	0.2- 10	<input type="checkbox"/>

Bioconductorの... 13

途中で①のように「アップデートするか?」的な質問を受けた場合は、余程の実害を被らない限り...

The screenshot shows the RStudio interface. The Console pane on the left displays the output of installing the 'GenomeInfoDbData' package. The Environment pane on the right shows an empty environment. The Packages pane at the bottom shows the system library with several installed packages.

```
R 4.3.0 · ~/
downloaded 11.5 MB

* installing *source* package 'GenomeInfoDbData' ...
** using staged installation
** data
** inst
** help
*** installing help indices
** building package indices
** testing if installed package can be loaded from temporary
location
** testing if installed package can be loaded from final loca
tion
** testing if installed package keeps a record of temporary i
nstallation path
* DONE (GenomeInfoDbData)

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
'C:\Users\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpiK312H\downlo
aded_packages'
Old packages: 'class', 'KernSmooth', 'MASS', 'Matrix',
'nnet'
Update all/some/none? [a/s/n]:
```

Name	Description	V...
<input checked="" type="checkbox"/> base	The R Base Package	4.3.0
<input type="checkbox"/> BiocM...	Access the Bioconductor Project Package Repository	1.30.0
<input type="checkbox"/> boot	Bootstrap Functions (Originally by Angelo Canty for S)	1.3-28.1
<input type="checkbox"/> class	Functions for Classification	7.3-21
<input type="checkbox"/> cluster	"Finding Groups in Data": Cluster Analysis	2.1.4



Bioconductorの... 14

途中で①のように「アップデートするか?」的な質問を受けた場合は、余程の実害を被らない限り、「②基本的にnと打ち込んでリターン」でよいです。

The screenshot shows the RStudio interface. The console window displays the following output:

```
R 4.3.0 · ~/
downloaded 11.5 MB

* installing *source* package 'GenomeInfoDbData' ...
** using staged installation
** data
** inst
** help
*** installing help indices
** building package indices
** testing if installed package can be loaded from temporary location
** testing if installed package can be loaded from final location
** testing if installed package keeps a record of temporary installation path
* DONE (GenomeInfoDbData)
```

Below the console output, there is a red arrow pointing to the prompt "Update all/some/none? [a/s/n]:" with the letter "n" entered. A red circle with the number "2" is overlaid on the "n".

Japanese text annotations in the screenshot:

- ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
- 'C:\Users\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpiK312H\downloaded_packages'
- Old packages: 'class', 'KernSmooth', 'MASS', 'Matrix', 'nnet'

The right-hand pane shows the Environment tab, which is empty. Below it is the Packages tab, showing the System Library with the following table:

	Name	Description	V...
<input checked="" type="checkbox"/>	base	The R Base Package	4.3.0
<input type="checkbox"/>	BiocM...	Access the Bioconductor Project Package Repository	1.30.0
<input type="checkbox"/>	boot	Bootstrap Functions (Originally by Angelo Canty for S)	1.3-28.1
<input type="checkbox"/>	class	Functions for Classification	7.3-21
<input type="checkbox"/>	cluster	"Finding Groups in Data": Cluster Analysis Extended Bourgeois	2.1.4

Bioconductorの... 15

途中で①のように「アップデートするか?」的な質問を受けた場合は、余程の実害を被らない限り、「②基本的にnと打ち込んでリターン」でよいです。③のようにコマンド入力待ち状態(コマンドプロンプトといいます)になっていればOKです。もし再度「Update all/some/none?」と聞かれてきたら、「nと打ち込んでリターン」を繰り返してください。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.3.0 ~/\

* installing *source* package 'GenomeInfoDbData' ...
** using staged installation
** data
** inst
** help
*** installing help indices
** building package indices
** testing if installed package can be loaded from temporary
location
** testing if installed package can be loaded from final loca
tion
** testing if installed package keeps a record of temporary i
nstallation path
* DONE (GenomeInfoDbData)

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
'C:\Users\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpiK312H\downlo
aded_packages'
Old packages: 'class', 'KernSmooth', 'MASS', 'Matrix',
'nnet'
Update all/some/none? [a/s/n]:
n
> |
```

Environment is empty

Files Plots Packages Help Viewer

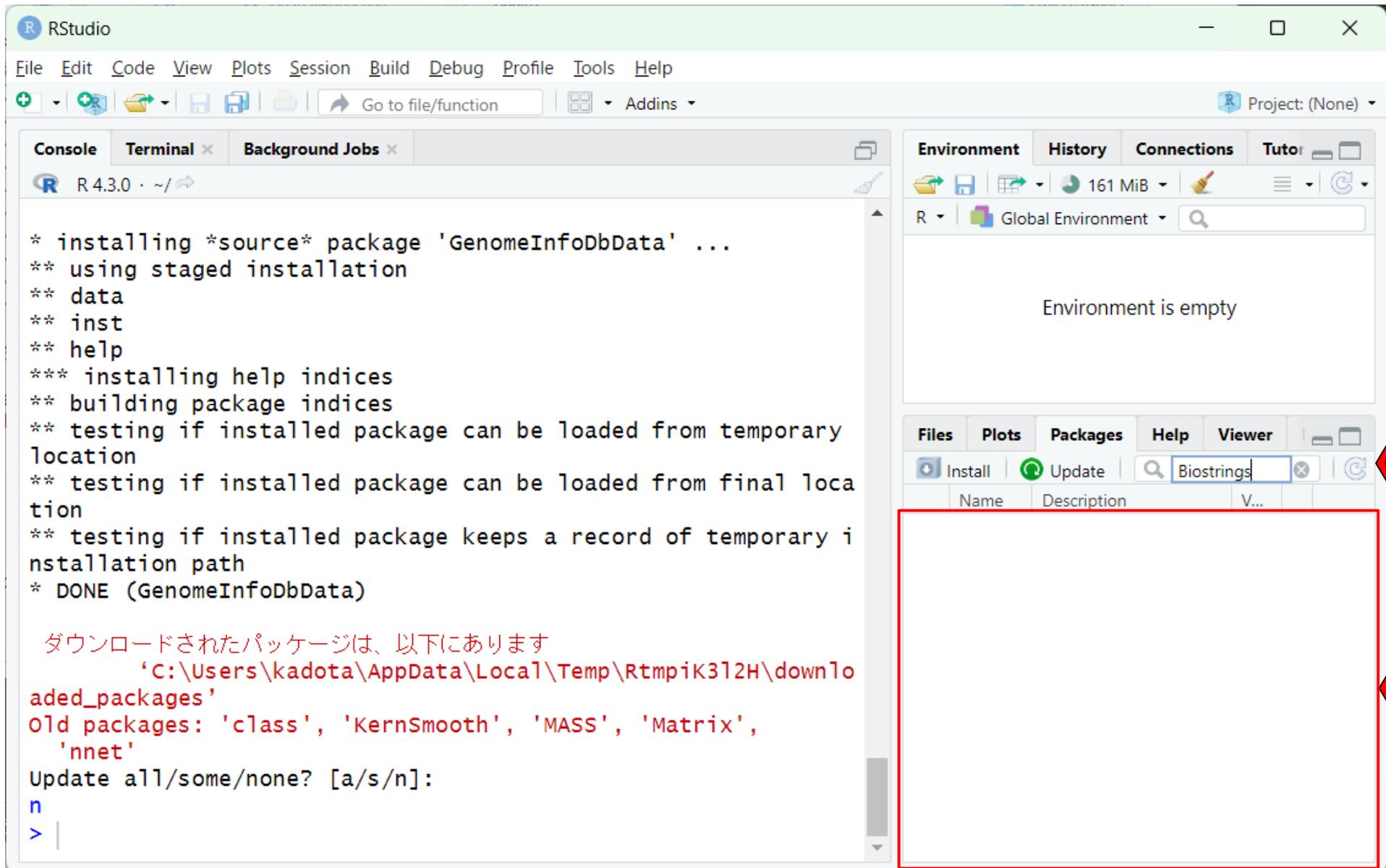
Install Update

	Name	Description	V...
System Library			
<input checked="" type="checkbox"/>	base	The R Base Package	4.3.0
<input type="checkbox"/>	BiocM...	Access the Bioconductor Project Package Repository	1.30.0
<input type="checkbox"/>	boot	Bootstrap Functions (Originally by Angelo Canty for S)	1.3-28.1
<input type="checkbox"/>	class	Functions for Classification	7.3-21
<input type="checkbox"/>	cluster	"Finding Groups in Data": Cluster Analysis Extended Bourgeois	2.1.4



Bioconductorの... 16

もし①赤枠内が何も変化ない場合は、②リロードボタンを押してみてください。



RStudio interface showing the installation of the `GenomeInfoDbData` package. The console output indicates the package is being installed from source using staged installation. The Environment pane is empty. The Packages pane shows the installed packages, with a red box highlighting the `Biostrings` package. Red arrows point to the `Biostrings` package in the Packages pane (labeled 1) and the `Install` button in the Packages pane (labeled 2).

```
R 4.3.0 · ~/
```

```
* installing *source* package 'GenomeInfoDbData' ...  
** using staged installation  
** data  
** inst  
** help  
*** installing help indices  
** building package indices  
** testing if installed package can be loaded from temporary  
location  
** testing if installed package can be loaded from final loca  
tion  
** testing if installed package keeps a record of temporary i  
nstallation path  
* DONE (GenomeInfoDbData)
```

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
'C:\Users\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpiK312H\downlo
aded_packages'
Old packages: 'class', 'KernSmooth', 'MASS', 'Matrix',
'nnet'
Update all/some/none? [a/s/n]:
n
>

Bioconductorの... 17

もし①赤枠内が何も変化ない場合は、②リロードボタンを押してみてください。③こんな感じでBiostringsパッケージが無事インストールされたことを確認できます。ここまでできれば、基本的に終了でよいです。

The screenshot shows the RStudio interface. The Console pane displays the output of installing the 'GenomeInfoDbData' package. The Environment pane shows the 'Global Environment' with 'Environment is empty'. The Packages pane shows the 'Biostrings' package installed.

```
R 4.3.0 · ~/
```

```
* installing *source* package 'GenomeInfoDbData' ...  
** using staged installation  
** data  
** inst  
** help  
*** installing help indices  
** building package indices  
** testing if installed package can be loaded from temporary location  
** testing if installed package can be loaded from final location  
** testing if installed package keeps a record of temporary installation path  
* DONE (GenomeInfoDbData)
```

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
'C:\Users\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpiK312H\downloaded_packages'
Old packages: 'class', 'KernSmooth', 'MASS', 'Matrix', 'nnet'
Update all/some/none? [a/s/n]:
n
>

Name	Description	V...
<input type="checkbox"/> Biostri...	Efficient manipulation of biological strings	2.68.0



Bioconductorの... 18

小技として、①のあたりに見えている「ほうきマーク」をクリックすると、②Console画面をクリアすることができます。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins Project: (None)

Console Terminal Background Jobs

R 4.3.0 · ~/

```
* installing *source* package 'GenomeInfoDbData' ...
** using staged installation
** data
** inst
** help
*** installing help indices
** building package indices
** testing if installed package can be loaded from temporary
location
** testing if installed package can be loaded from final loca
tion
** testing if installed package keeps a record of temporary i
nstallation path
* DONE (GenomeInfoDbData)
```

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
 'C:\Users\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpiK312H\downlo
 aded_packages'
 Old packages: 'class', 'KernSmooth', 'MASS', 'Matrix',
 'nnet'
 Update all/some/none? [a/s/n]:
 n
 >

Environment History Connections Tutor

Environment is empty

Files Plots Packages Help Viewer

Install Update Biostrings

Name	Description	V...
<input type="checkbox"/> Biostri...	Efficient manipulation of biological strings	2.68.0

Bioconductorの... 19

小技として、①のあたりに見えている「ほうきマーク」をクリックすると、②Console画面をクリアすることができます。実行後。

The screenshot shows the RStudio interface. The main window is titled "RStudio" and has a menu bar with "File", "Edit", "Code", "View", "Plots", "Session", "Build", "Debug", "Profile", "Tools", and "Help". Below the menu bar is a toolbar with various icons, including a "Go to file/function" search bar and an "Addins" dropdown. The main workspace is divided into several panes:

- Console:** Shows "R 4.3.0 · ~/>" and a prompt ">".
- Environment:** Shows "Global Environment" and "Environment is empty".
- Packages:** Shows a list of installed packages, including "Biostri...".

Name	Description	V...
<input type="checkbox"/> Biostri...	Efficient manipulation of biological strings	2.68:

Bioconductorの... 20

③Historyタブには、これまで実行したコマンドの履歴情報があります。こちらについても、④および⑤をクリックすると、履歴情報をクリアできます。

The screenshot shows the RStudio interface. The History tab is active, displaying a list of executed commands. A red arrow labeled ③ points to the History tab. Another red arrow labeled ④ points to the 'Clear History' button (represented by a broom icon) in the History tab. A dialog box titled 'Confirm Clear History' is open, asking 'Are you sure you want to clear all history entries?'. A red arrow labeled ⑤ points to the 'はい(Y)' (Yes) button in the dialog box. Below the dialog box, a table shows the installed packages:

Name	Description	V...
<input type="checkbox"/> Biostri...	Efficient manipulation of biological strings	2.68: [Globe] [X]

Bioconductorの... 21

③Historyタブには、これまで実行したコマンドの履歴情報があります。こちらについても、④および⑤をクリックすると、履歴情報をクリアできます。実行後。

The screenshot shows the RStudio interface. The main console area is empty with a prompt '>'. The Environment pane on the right is active, showing the 'History' tab. The History tab contains a search bar and two buttons: 'To Console' and 'To Source'. Below the Environment pane, the Packages pane is visible, showing a table of installed packages. The 'Biostrings' package is highlighted.

Name	Description	V...
<input type="checkbox"/> Biostri...	Efficient manipulation of biological strings	2.68:

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(管理者として起動するのを忘れずに)
- Rパッケージ
 - CRANのパッケージのインストール
 - Bioconductorのパッケージのインストール
 - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

.tar.gzファイルの... 1

最後に、.tar.gzという拡張子のついた、Rパッケージの圧縮ファイルをダウンロードしておいてからインストールするやり方を示します。ここでは、①現在は削除されているものの、②MBCluster.SeqというかつてCRANから提供されていたパッケージを例として説明します。③のリンク先に、提供されていた当時のファイルがアーカイブ(保管)されています。

CRAN - Package MBCluster.Seq

cran.r-project.org/web/packages/MBCluster.Seq/index.html

Package 'MBCluster.Seq' was removed from the CRAN repository.

Formerly available versions can be obtained from the [archive](#).

Archived on 2022-06-22 as check problems were not corrected despite reminders.

A summary of the most recent check results can be obtained from the [check results archive](#).

Please use the canonical form <https://CRAN.R-project.org/package=MBCluster.Seq> to link to this page.

<https://CRAN.R-project.org/package=MBCluster.Seq>

.tar.gzファイルの... 2



Index of /src/contrib/Archive/MBCluster.Seq/

<u>Name</u>	<u>Last modified</u>	<u>Size</u>	<u>Description</u>
Parent Directory	-		
MBCluster.Seq_1.0.tar.gz	2012-10-29 08:57	29K	

Apache Server at cran.r-project.org Port 443

最後に、.tar.gzという拡張子のついた、Rパッケージの圧縮ファイルをダウンロードしておいてからインストールするやり方を示します。ここでは、①現在は削除されているものの、②MBCluster.SeqというかつてCRANから提供されていたパッケージを例として説明します。③のリンク先に、提供されていた当時のファイルがアーカイブ(保管)されています。こんな感じになるので、④tar.gzファイルをダウンロードします。ブラウザによっては、ダウンロード後のファイルが.tar.gzではなく.tarになってしまう場合もありますのでご注意ください。

.tar.gzファイルの... 3

①Packagesタブ上で、②MBCluster.Seqと打ち込んで、赤枠内に何も表示されない(i.e., インストールされてない)ことを確認しています。念のため、③Installを押して、さきほどのCRANからはインストールできないことを確認します。

The screenshot shows the RStudio interface. The main window is the Console, showing the R prompt >. The right-hand pane is split into several tabs: Environment, History, Connections, and Tutor. Below these is a search bar with 'To Console' and 'To Source' options. The 'Packages' tab is active, showing a search bar with 'MBCluster.Seq' entered. Below the search bar is a table with columns 'Name', 'Description', and 'V...'. The 'Install' button is highlighted with a red arrow labeled '3'. The search bar is highlighted with a red arrow labeled '2'. The 'Packages' tab is highlighted with a red arrow labeled '1'.

.tar.gzファイルの... 4

①Packagesタブ上で、②MBCluster.Seqと打ち込んで、赤枠内に何も表示されない(i.e., インストールされてない)ことを確認しています。念のため、③Installを押して、さきほどのCRANからはインストールできないことを確認します。④CRANでは、⑤MBCluster.Seqが候補としてリストアップされないので予想がつきますが、⑥Install。

Install Packages

Install from: [? Configuring Repositories](#)

Repository (CRAN) ④

Packages (separate multiple with space or comma):

MBCluster.Seq ⑤

Install to Library:

C:/Program Files/R/R-4.3.0/library [Default]

Install dependencies

Install ⑥ Cancel

Package	Description	V...
Update	MBCluster.Seq	

.tar.gzファイルの... 5

①のコマンドが実行されましたが、②not availableからもわかるように、③リロードしてもMBCluster.Seqパッケージがインストールされていないことがわかります。

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

```
R 4.3.0 ~/  
> install.packages("MBCluster.Seq")  
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/  
Warning in install.packages :  
  package 'MBCluster.Seq' is not available for this version of R  
  
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  
> |
```

The Packages pane on the right shows the search results for "MBCluster.Seq". The "Install" button is highlighted, and the "Update" button is disabled. A table below the buttons shows the package name and description.

Name	Description	V...
MBCluster.Seq		

.tar.gzファイルの... 6

①のコマンドが実行されましたが、②not availableからもわかるように、③リロードしてもMBCluster.Seqパッケージがインストールされていないことがわかります。もう1度④ Install。⑤でクリックすると...

The screenshot shows the RStudio interface. In the console, the command `install.packages("MBCluster.Seq")` has been executed, resulting in a warning: `WARNING: Rtools is required to build R packages but is not currently installed. Please download and install the appropriate version of Rtools before installing packages.` Below the warning, there is a red arrow labeled ⑤ pointing to the 'Repository (CRAN)' dropdown in the 'Install Packages' dialog box. The dialog box is open, showing the 'Install from:' field set to 'Repository (CRAN)', the 'Install to Library:' field set to 'C:/Program Files/R/R-4.3.0/library [Default]', and the 'Install dependencies' checkbox checked. In the background, the 'Packages' pane shows 'MBCluster.Seq' with an 'Install' button highlighted by a red arrow labeled ④.

.tar.gzファイルの... 7

①のコマンドが実行されましたが、②not availableからもわかるように、③リロードしてもMBCluster.Seqパッケージがインストールされていないことがわかります。もう1度④ Install。⑤でクリックすると、⑥が見られるのでこちらに切り替えると...

The screenshot shows the RStudio interface with the following elements:

- Console:** Shows the command `install.packages("MBCluster.Seq")` and a warning message: "WARNING: Rtools is required to build R packages but is not currently installed. Please download and install the appropriate version of Rtools before installing packages." Below the warning, the URL `https://cran.r-project.org/bin/windows/base/` is visible.
- Terminal:** Shows the command `install.packages("MBCluster.Seq")` being executed.
- Environment:** Shows the package `MBCluster.Seq` with an "Install" button.
- Install Packages Dialog:** A dialog box is open with the following settings:
 - Install from:** A dropdown menu with "Repository (CRAN)" selected. A red arrow labeled "6" points to the "Package Archive File (.zip; .tar.gz)" option.
 - Install to Library:** A dropdown menu with "C:/Program Files/R/R-4.3.0/library [Default]" selected.
 - Install dependencies:** A checked checkbox.
 - Buttons:** "Install" and "Cancel" buttons are at the bottom.

.tar.gzファイルの... 8

①のコマンドが実行されましたが、②not availableからもわかるように、③リロードしてもMBCluster.Seqパッケージがインストールされていないことがわかります。もう1度④Install。⑤でクリックすると、⑥が見られるのでこちらに切り替えると、赤枠のような状態になります。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal Background Jobs

Select Package Archive

幸二 - The University of To... > ドキュメント >

整理 新しいフォルダー

名前	状態	更新日時	種類
2020	✓	2023/04/03 17:24	ファイル フォルダ
2021	✓	2023/04/07 17:37	ファイル フォルダ
2022	✓	2023/04/03 17:24	ファイル フォルダ
2023	☁	2023/04/16 9:55	ファイル フォルダ
html	🔄	2023/05/24 10:38	ファイル フォルダ
MEGA X	✓	2023/05/17 17:28	ファイル フォルダ
Office のカスタム テンプレート	☁	2023/04/03 17:23	ファイル フォルダ

ファイル名(N): All Files (*.*)

Open キャンセル

.tar.gzファイルの... 9

①のコマンドが実行されましたが、②not availableからもわかるように、③リロードしてもMBCluster.Seqパッケージがインストールされていないことがわかります。もう1度④Install。⑤でクリックすると、⑥が見られるのでこちらに切り替えると、赤枠のような状態になります。さきほどダウンロードしておいた⑧.tar.gzファイルを選択して、⑨Open。

The screenshot shows the RStudio interface with the 'Select Package Archive' dialog box open. The dialog is set to the 'Downloads' folder. The file 'MBCluster.Seq_1.0.tar.gz' is selected, and a red arrow points to it with a circled '8'. The 'Open' button at the bottom right is also highlighted with a red arrow and a circled '9'. The file name 'MBCluster.Seq_1.0.tar.gz' is visible in the 'ファイル名(N):' field.

名前	更新日時	種類	サイズ
今日			
MBCluster.Seq_1.0.tar.gz	2023/05/31 20:25	GZ ファイル	30

.tar.gzファイルの... 10

こんな感じになって、先ほど指定した
①.tar.gzファイルの完全パス情報がここに記
載されます。②Install。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Console:** Displays the command `install.packages("MBCluster.Seq")` and a warning message: "WARNING: Rtools is required to build R packages but is not currently installed. Please download and install the appropriate version of Rtools before installing packages." Below the warning, a URL is partially visible: `https://cran.r-project.org/web/packages/MBCluster.Seq/index.html`. A red arrow with the number 1 points to the file path in the dialog box.
- Terminal:** Shows the same command and warning as the console.
- Background Jobs:** Shows the command `install.packages("MBCluster.Seq")` being executed.
- Environment:** Shows the command `install.packages("MBCluster.Seq")` in the history.
- Files:** Shows the package `MBCluster.Seq` installed.
- Install Packages Dialog:** A modal dialog box titled "Install Packages" is open. It contains the following fields:
 - Install from:** A dropdown menu set to "Package Archive File (.zip; .tar.gz)".
 - Package archive:** A text field containing the path `.../Downloads/MBCluster.Seq_1.0.tar.gz`. A "Browse..." button is to the right. A red arrow with the number 2 points to the "Install" button.
 - Install to Library:** A dropdown menu set to `C:/Program Files/R/R-4.3.0/library [Default]`.
 - Buttons:** "Install" and "Cancel" buttons at the bottom.

.tar.gzファイルの... 11

こんな感じになって、先ほど指定した
①.tar.gzファイルの完全パス情報がここに記
載されます。②Install。さきほどまでの作業
は、③のコマンド入力に相当します。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Console:** Displays the R command prompt and the execution of `install.packages("C:/Users/kadota/Downloads/MBCluster.Seq_1.0.tar.gz", repos = NULL, type = "source")`. The output shows a warning that the package is not available for the current version of R, followed by instructions to install Rtools and the successful installation of the package from source.
- Terminal:** Shows the R command prompt.
- Background Jobs:** Shows the progress of the installation.
- Environment:** Shows the installed packages, including `MBCluster.Seq`.
- Files:** Shows the file explorer with the `MBCluster.Seq` package file selected.
- Plots:** Shows the plot viewer.
- Packages:** Shows the package manager with the `MBCluster.Seq` package selected and the `Install` button highlighted.
- Help:** Shows the help viewer.
- Viewer:** Shows the viewer pane.

```
Warning in install.packages :
  package 'MBCluster.Seq' is not available for this version of
R

A version of this package for your version of R might be avail
able elsewhere,
see the ideas at
https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html#
Installing-packages
> install.packages("C:/Users/kadota/Downloads/MBCluster.Seq_1.
0.tar.gz", repos = NULL, type = "source")
WARNING: Rtools is required to build R packages but is not cur
rently installed. Please download and install the appropriate
version of Rtools before proceeding:

https://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/
* installing *source* package 'MBCluster.Seq' ...
** package 'MBCluster.Seq' successfully unpacked and MD5 sums
checked
** using staged installation
** R
** data
** byte-compile and prepare package for lazy loading
** help
```

.tar.gzファイルの... 12

こんな感じになって、先ほど指定した
①.tar.gzファイルの完全パス情報がここに記載されます。②Install。さきほどまでの作業は、③のコマンド入力に相当します。④のあたりのsuccessfullyという単語や、⑤でMBCluster.Seqパッケージが見られる状態になっていることからインストールに成功していることがわかります。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.3.0 ~/\
0.tar.gz", repos = NULL, type = "source")
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/
* installing *source* package 'MBCluster.Seq' ...
** package 'MBCluster.Seq' successfully unpacked and MD5 sums checked
** using staged installation
** R
** data
** byte-compile and prepare package for lazy loading
** help
*** installing help indices
** building package indices
** testing if installed package can be loaded from temporary location
** testing if installed package can be loaded from final location
** testing if installed package keeps a record of temporary installation path
* DONE (MBCluster.Seq)
>
```

```
install.packages("C:/Users/kadot...")
```

Name	Description	V...
<input type="checkbox"/> MBCl...	Model-Based Clustering for RNA-seq Data	1.0

