

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](mailto: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

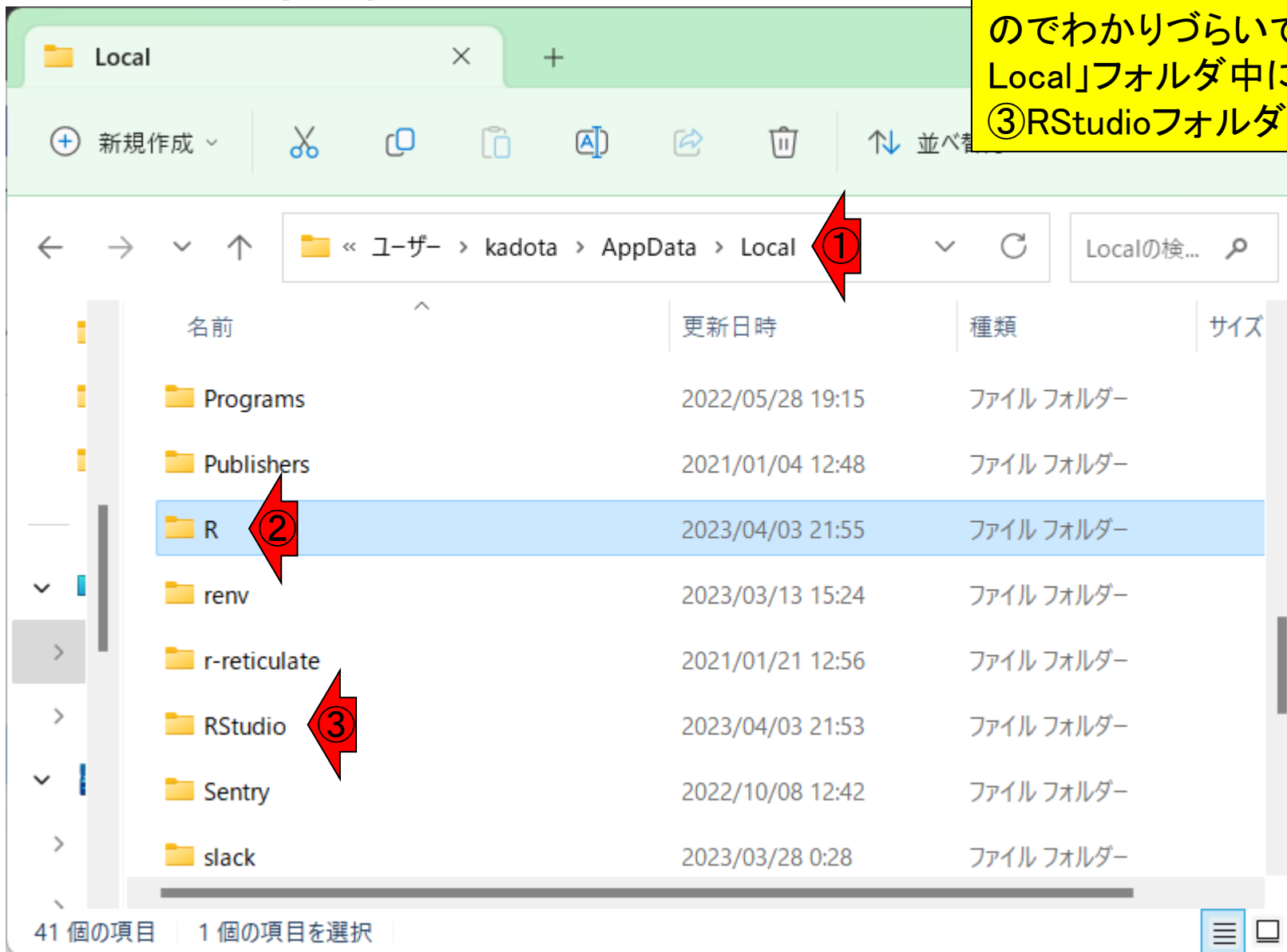
ゲーム

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		⋮

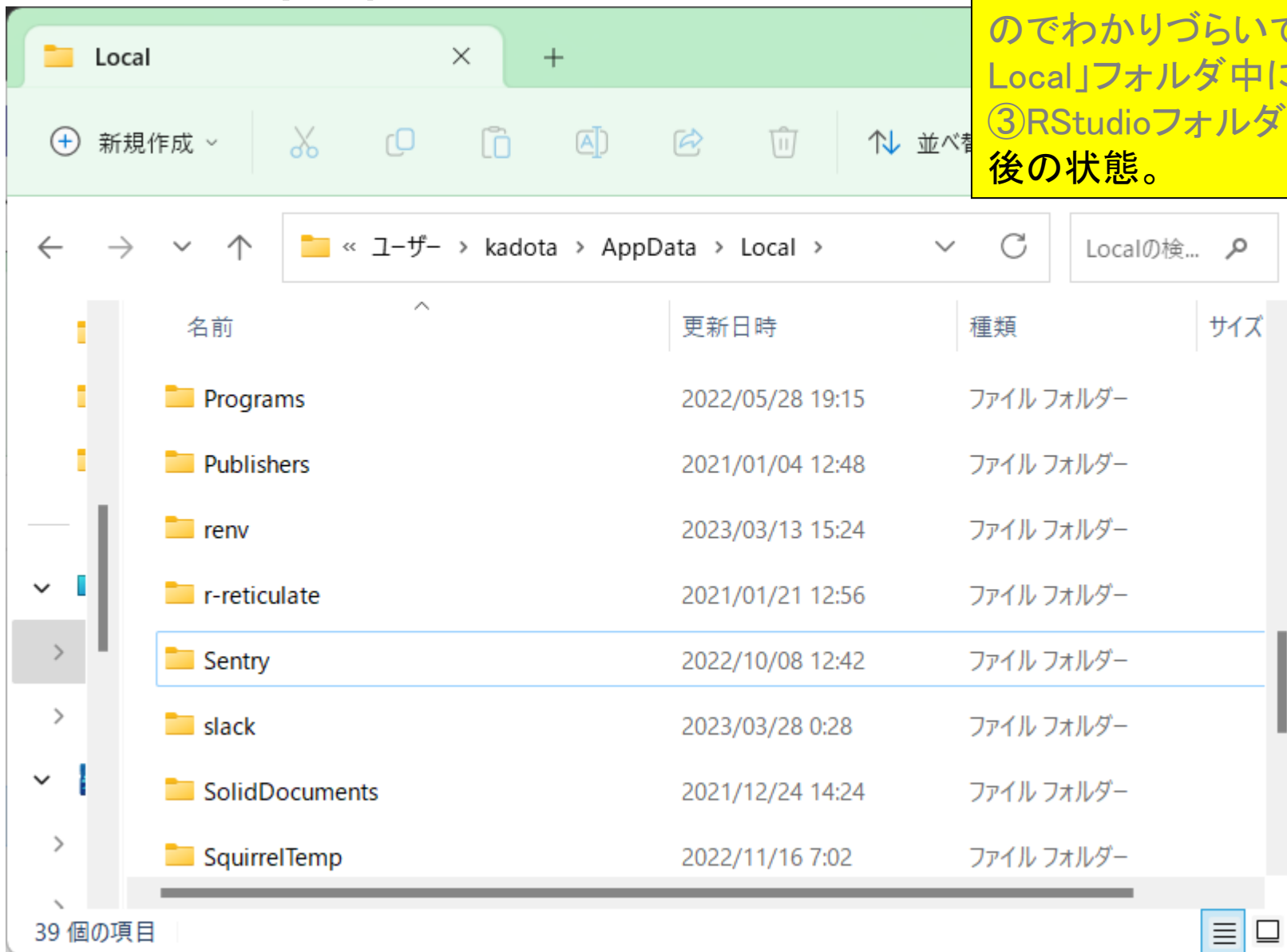
# 事前準備3

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。

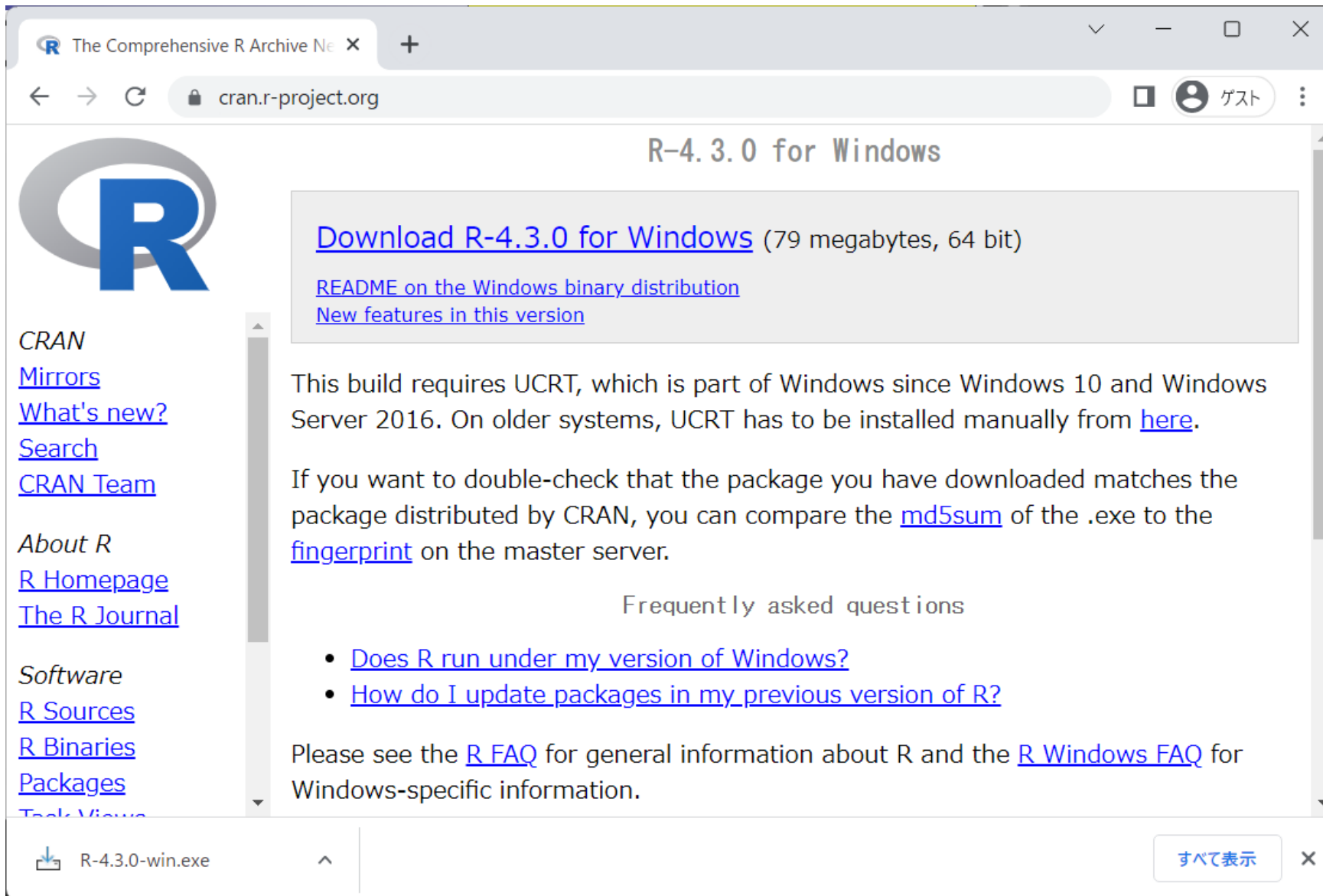
The screenshot shows the CRAN website for R-4.3.0 for Windows. The browser address bar shows [cran.r-project.org](https://cran.r-project.org). The page title is "R-4.3.0 for Windows". The main content area features a large blue "R" logo and a navigation menu on the left with links for "CRAN", "Mirrors", "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 heading is "Download R-4.3.0 for Windows (79 megabytes, 64 bit)". Below this heading are links for "README on the Windows binary distribution" and "New features in this version". A red arrow labeled "4" points to the "Download R-4.3.0 for Windows" link, and another red arrow labeled "5" points to the file size "(79 megabytes, 64 bit)". 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 provides instructions on how to verify the downloaded package by comparing the md5sum of the .exe file to the fingerprint on the master server. A section titled "Frequently asked questions" contains 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, it says "Please see the [R FAQ](#) for general information about R and the [R Windows FAQ](#) for Windows-specific information." and "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'. A paragraph 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.' Another paragraph says: '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.

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

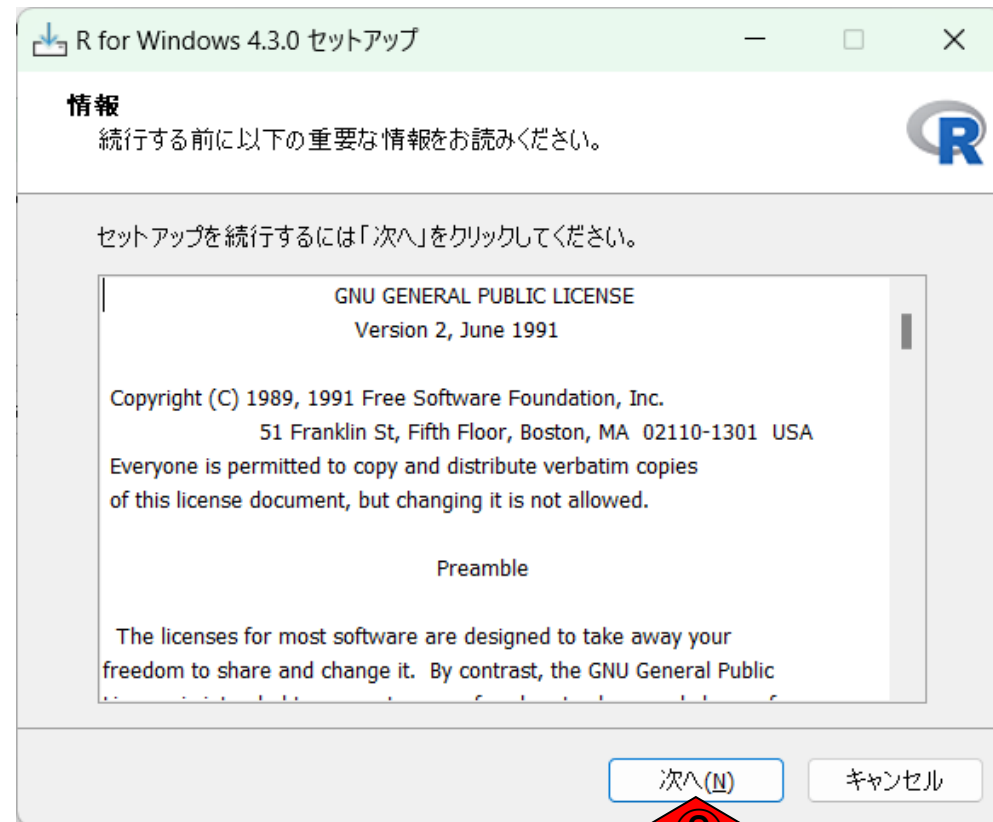
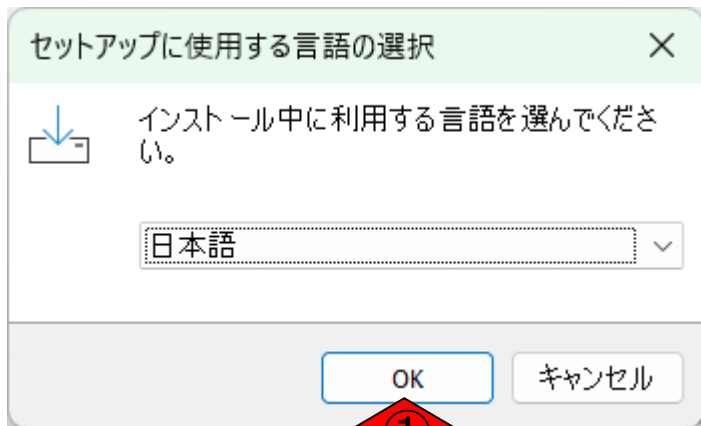
ダウンロードが無事完了した状態。①ダウンロード先のフォルダにある、②R-4.3.0-win.exeをダブルクリック。

The screenshot shows the CRAN website page for downloading 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)". A file explorer window is overlaid on the page, showing the "Downloads" folder. The file "R-4.3.0-win.exe" is listed with a size of 80,023 KB and a date of 2023/05/31 12:17. Red arrows labeled ① and ② point to the folder name and the file name, respectively.

The browser address bar shows "cran.r-project.org". The page content includes the R logo, navigation 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 instructions for downloading the binary. The file explorer window shows the following table:

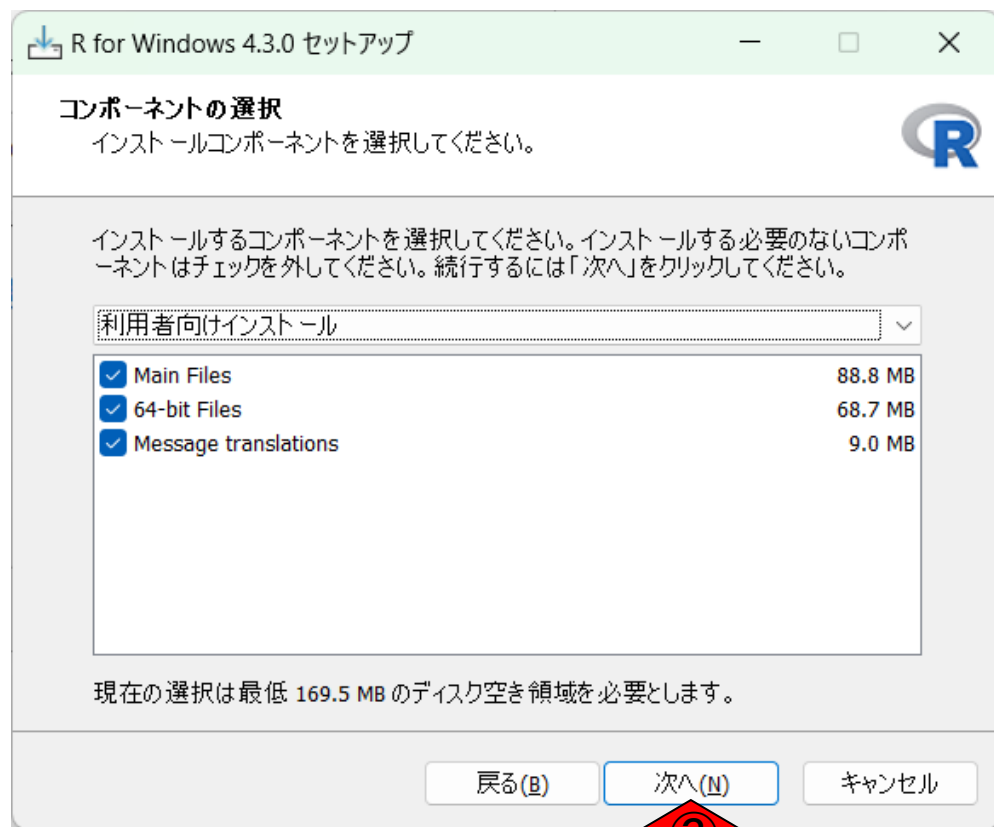
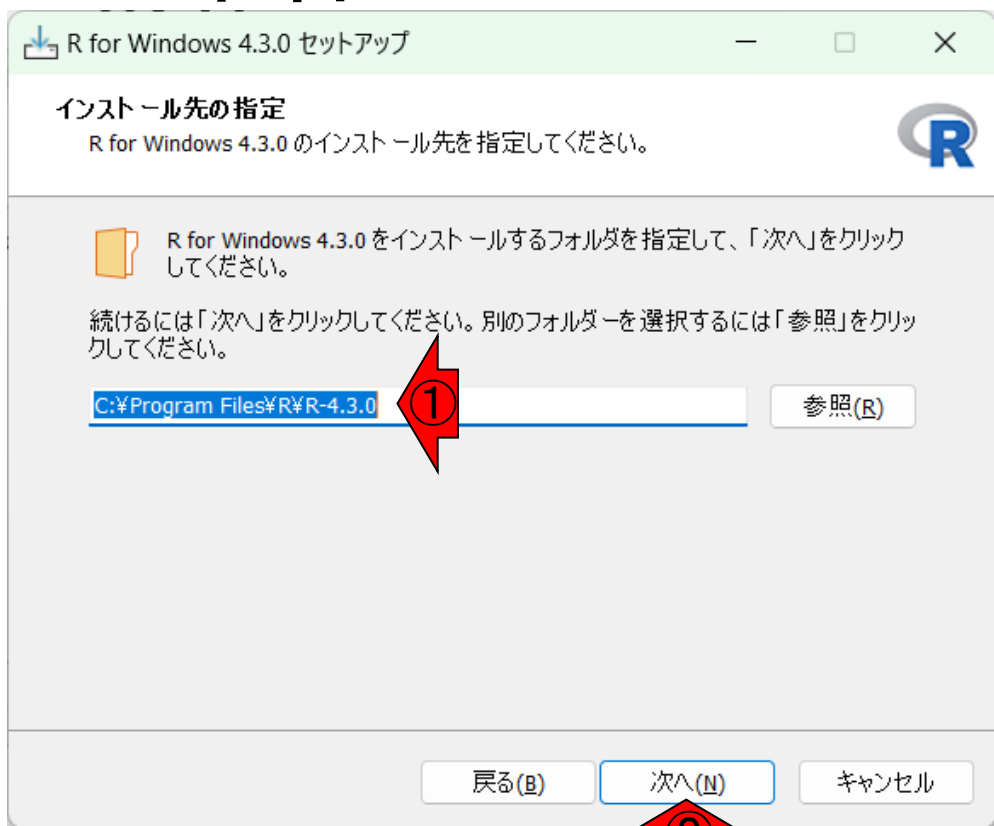
名前	更新日時	サイズ	種類
R-4.3.0-win.exe	2023/05/31 12:17	80,023 KB	アプリケーション

# R本体のインストール 7



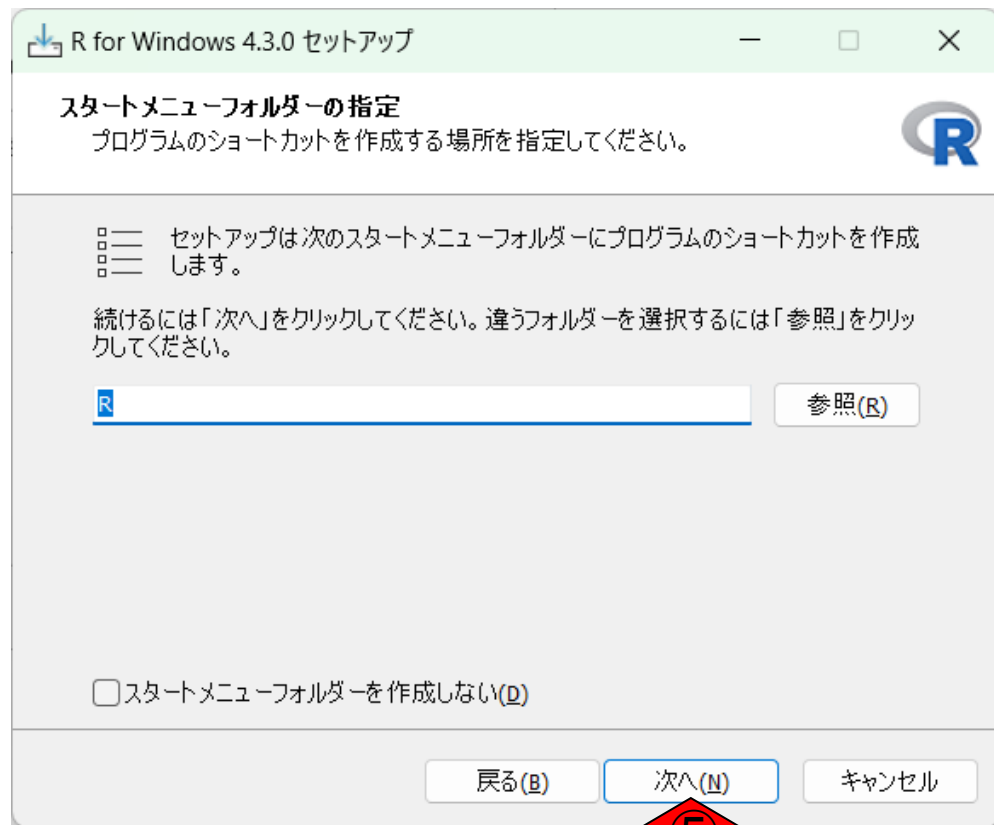
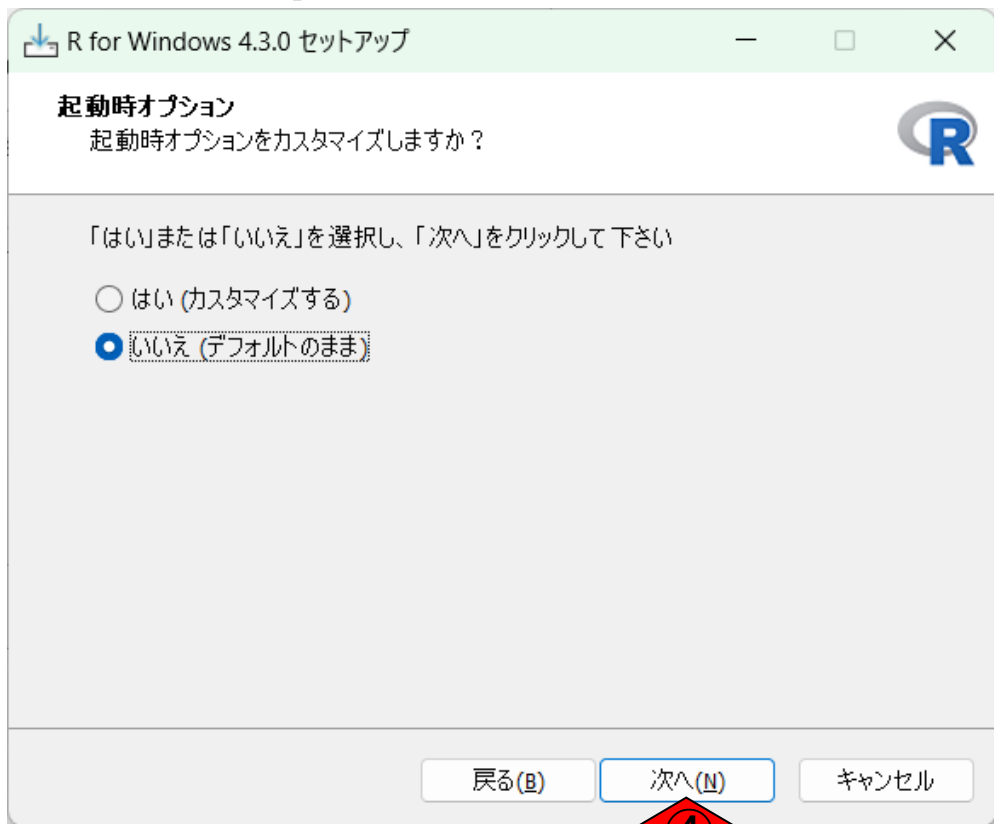
# R本体のインストール 8

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

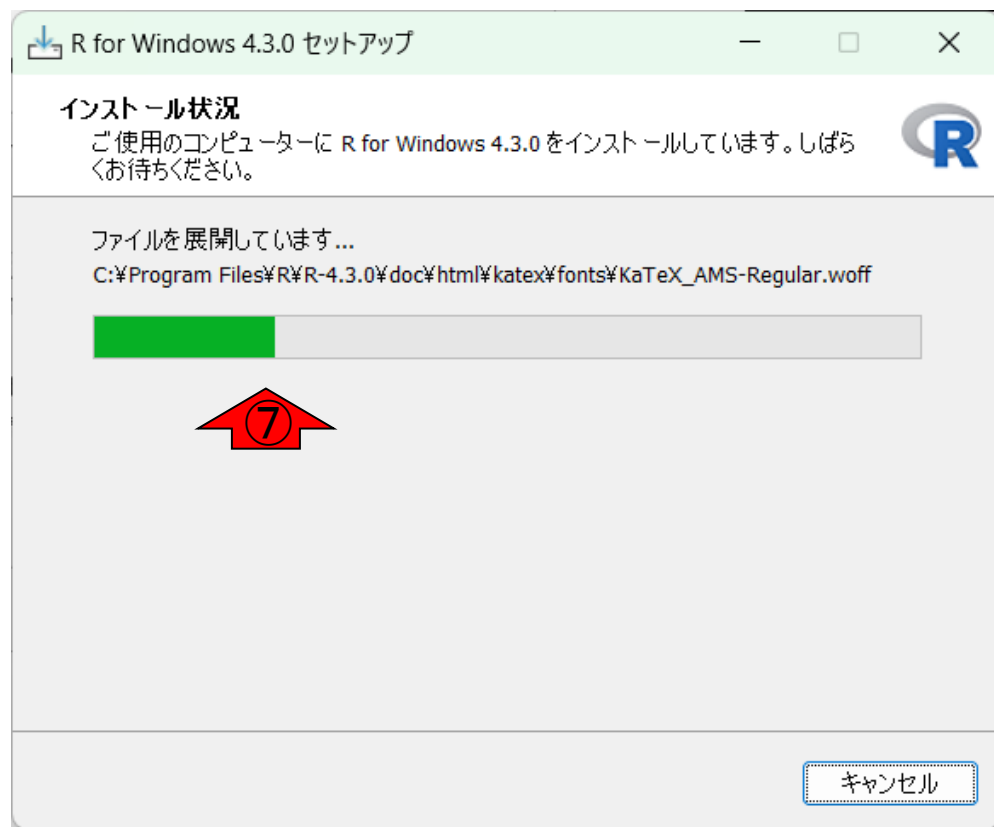
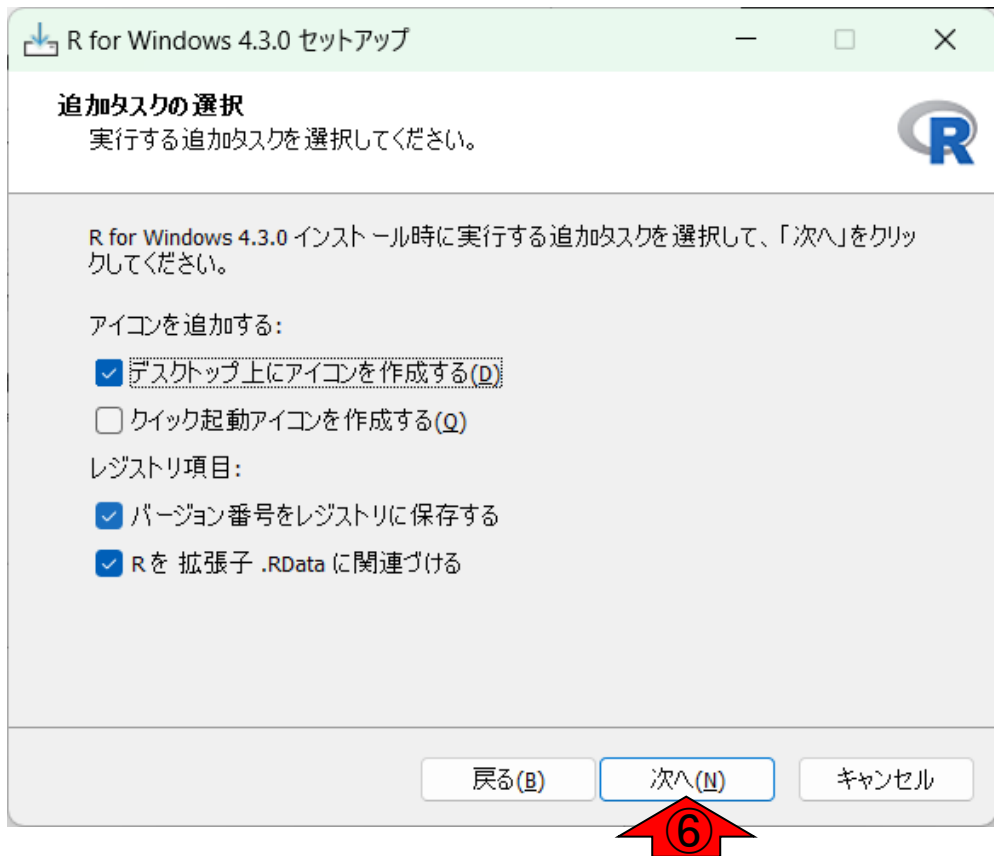
①デフォルトではここにインストールされます。②次へ。③次へ。④次へ。⑤次へ。





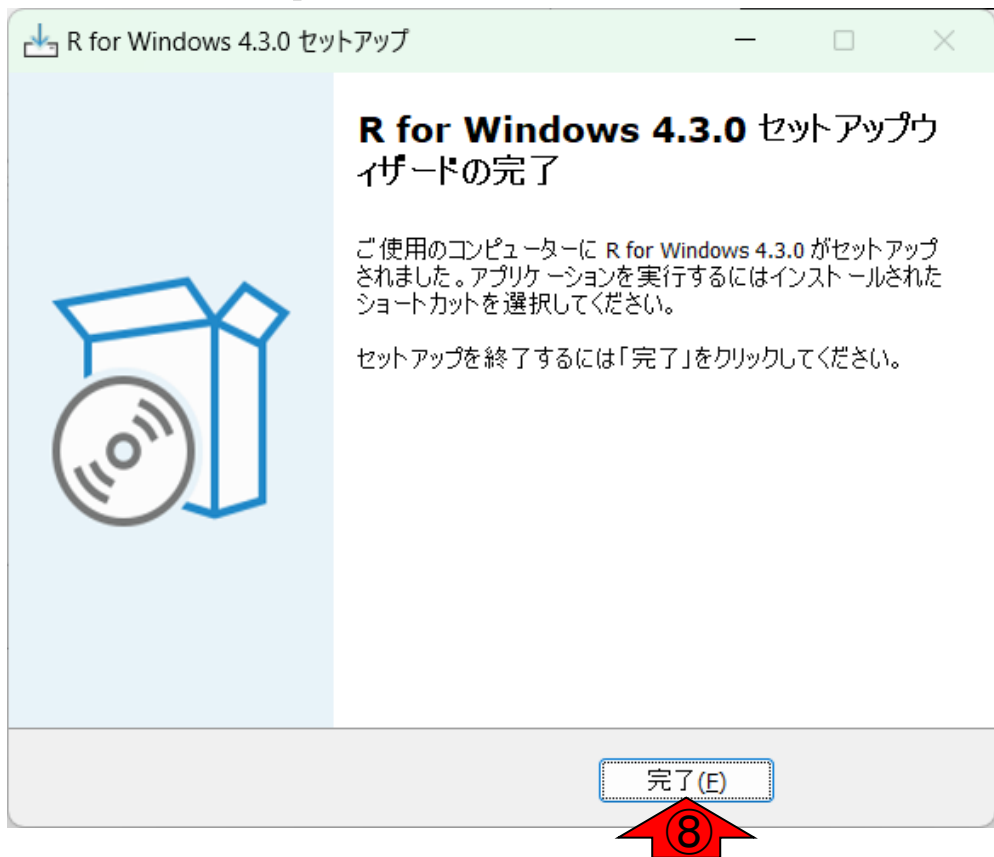
# R本体のインストール 10

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

マクサミルプレ

# 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。

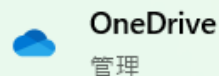
← 設定

## 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

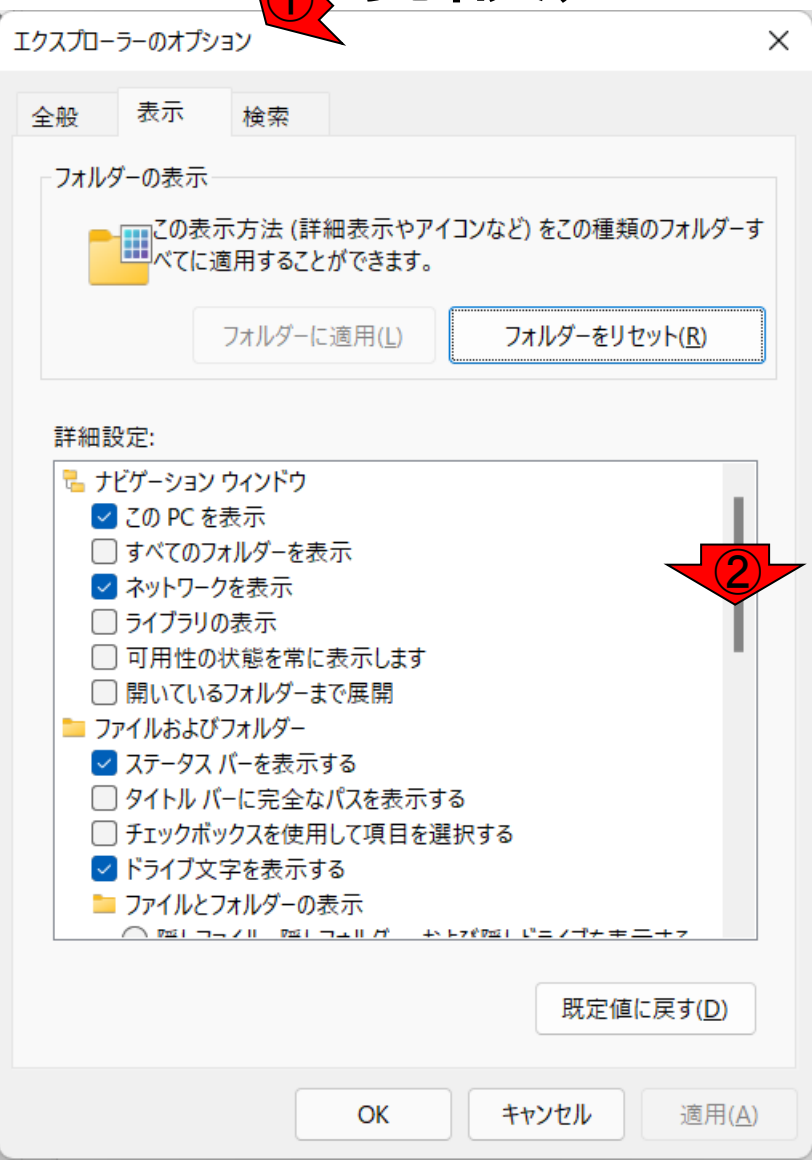
タイトル バーに完全なパスを表示するように設定を変更します

設定の表示

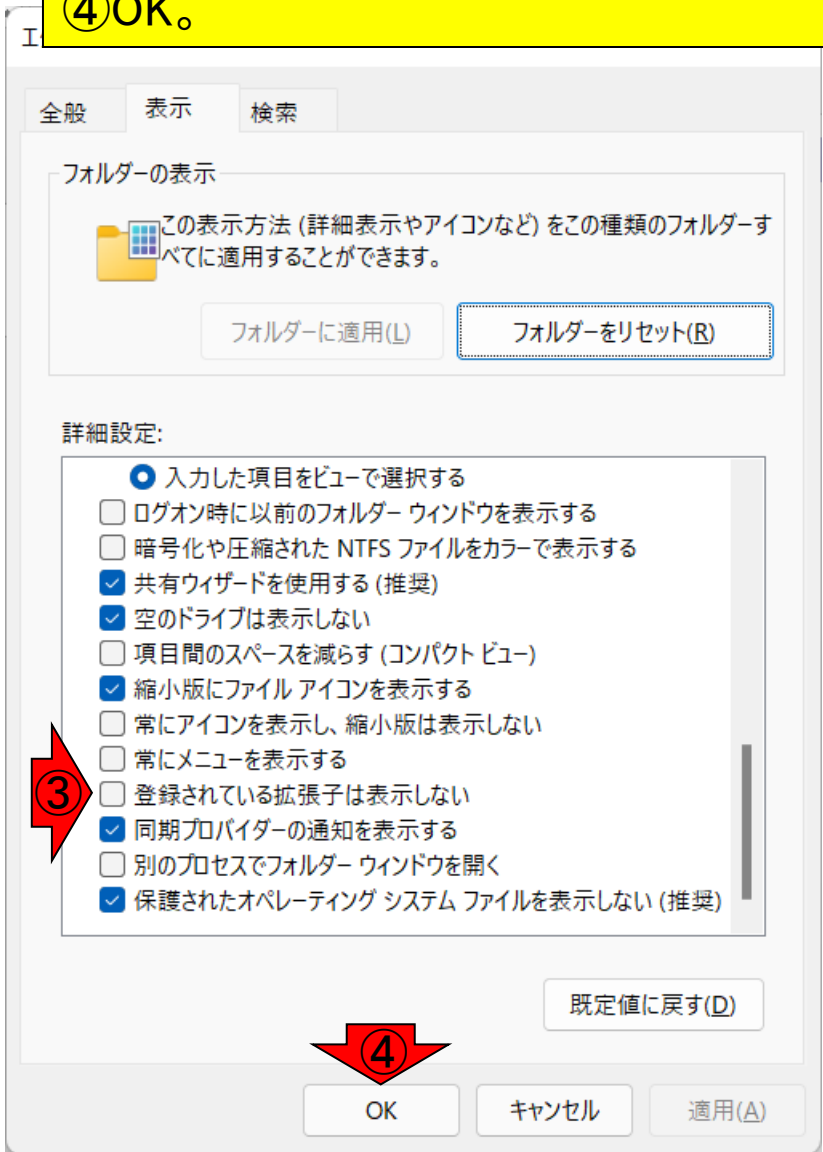
スタート メニューに [別のユーザーとして実行] を表示するようにポリシーを変更します

設定の表示

# PC環境設定4



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



# Contents

- 事前準備: 古いR情報の削除(任意)
- R本体のインストール
- PC環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了(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/](https://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. Red arrows with numbers 1, 2, and 3 point to the main heading, the URL in the address bar, and the bottom of the page respectively.

DOWNLOAD

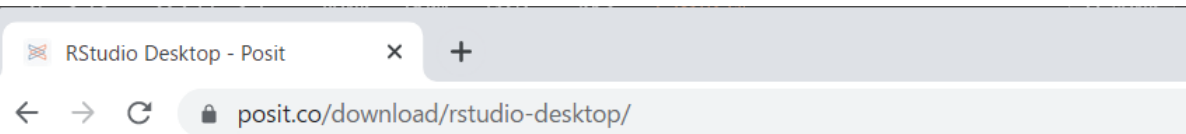
# RStudio Desktop

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。



PRODUCTS SOLUTIONS LEARN & SUPPORT EXPLORE M



## 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: Ins

DOWNLOAD RSTUDIO DESKTOP FOR WINDOWS



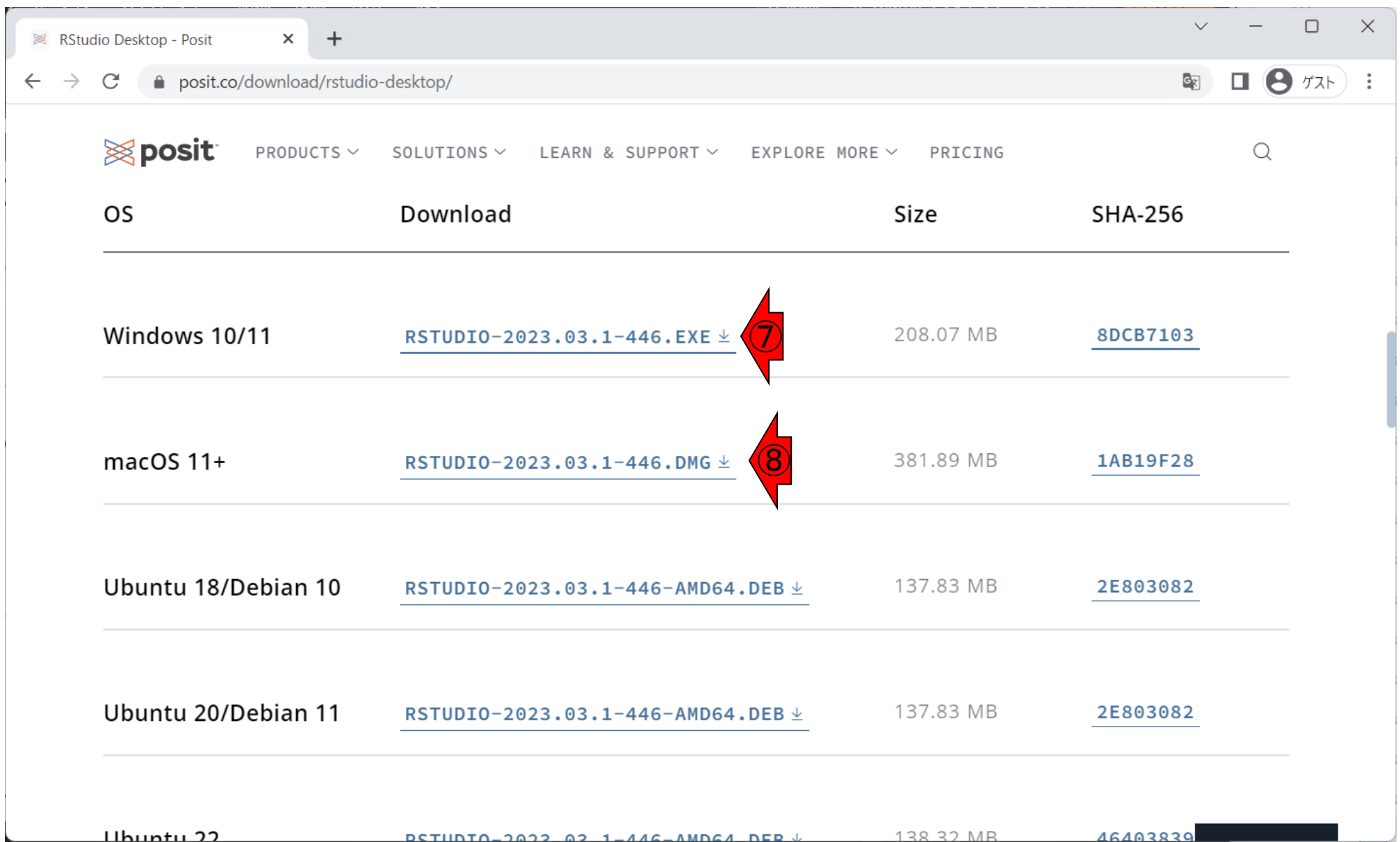
Size: 208.07 MB | [SHA-256: 8DCB7103](#) | Version: 2023.03.1+446 | Released: 2023-05-12



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	<a href="#">RSTUDIO-2023.03.1-446.EXE</a> ⚡⑦	208.07 MB	<a href="#">8DCB7103</a>
macOS 11+	<a href="#">RSTUDIO-2023.03.1-446.DMG</a> ⚡⑧	381.89 MB	<a href="#">1AB19F28</a>
Ubuntu 18/Debian 10	<a href="#">RSTUDIO-2023.03.1-446-AMD64.DEB</a>	137.83 MB	<a href="#">2E803082</a>
Ubuntu 20/Debian 11	<a href="#">RSTUDIO-2023.03.1-446-AMD64.DEB</a>	137.83 MB	<a href="#">2E803082</a>
Ubuntu 22	<a href="#">RSTUDIO-2023.03.1-446-AMD64.DEB</a>	138.32 MB	<a href="#">46403839</a>

# 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 '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 'RStudio-2023.03.1....exe' is 23.5/198 MB downloaded and 22 seconds remaining.

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

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。

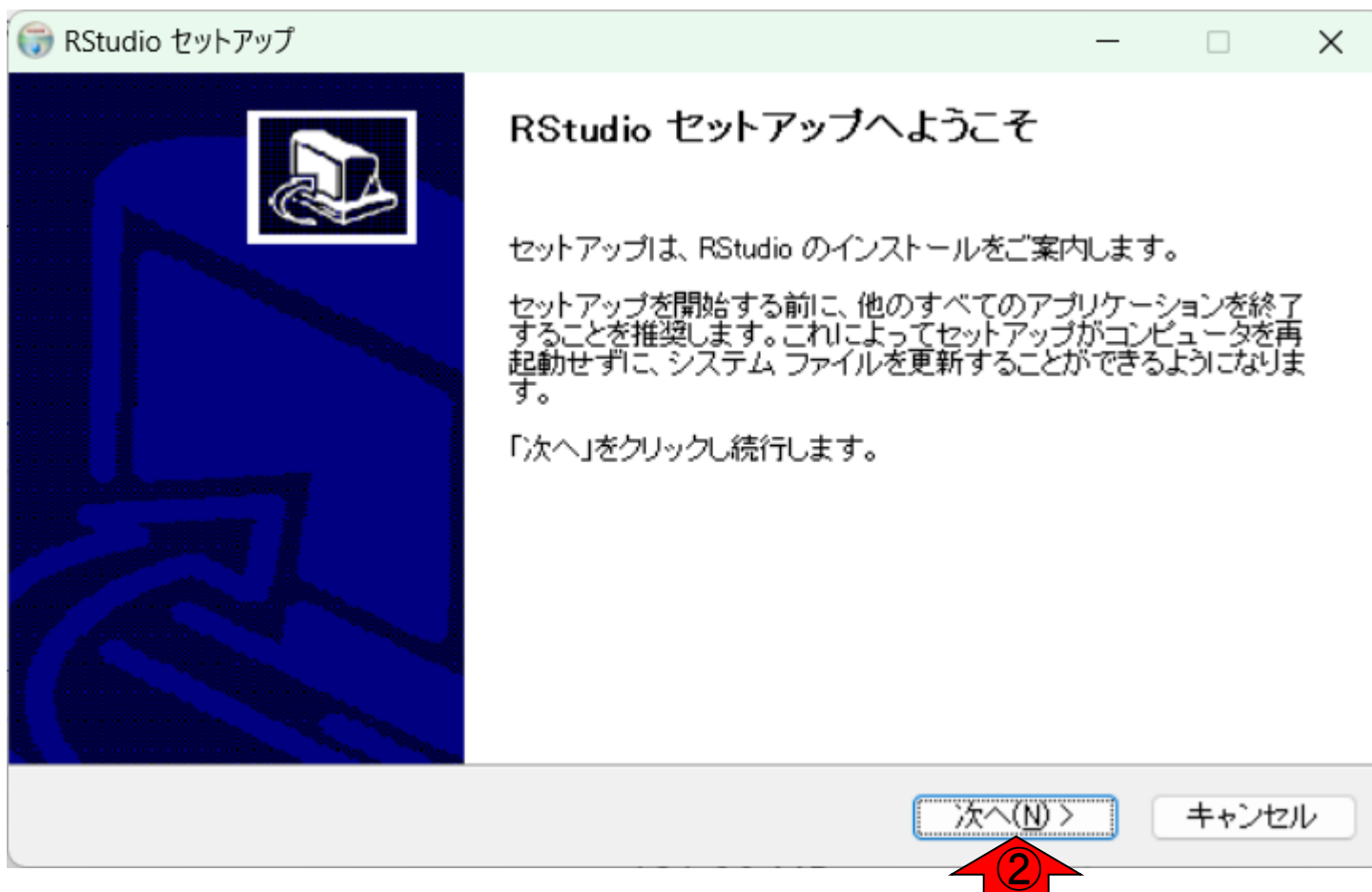
The screenshot shows the Posit website's download page for RStudio Desktop. The page has a navigation bar with the Posit logo and links for PRODUCTS, SOLUTIONS, LEARN & SUPPORT, EXPLORE MORE, and PRICING. Below the navigation is a table with columns for OS, Download, Size, and SHA-256. The table lists download links for Windows 10/11, macOS 11+, Ubuntu 18/Debian 10, and Ubuntu 20/Debian 11. A red arrow with the number 1 points to the Windows download link. At the bottom, a taskbar shows the downloaded file 'RStudio-2023.03.1....exe'.

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

Taskbar: RStudio-2023.03.1....exe

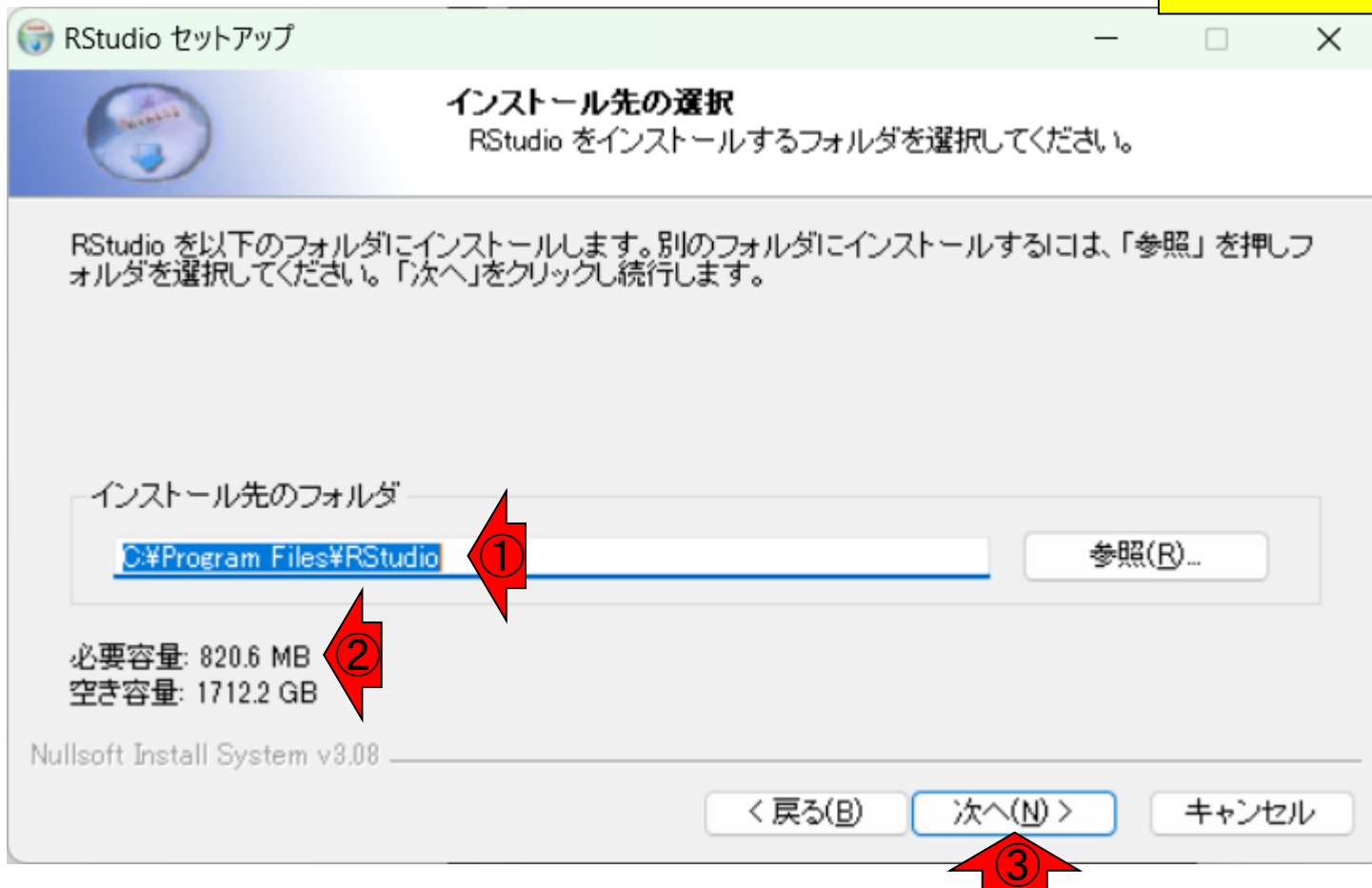
# RStudioのインストール6

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。



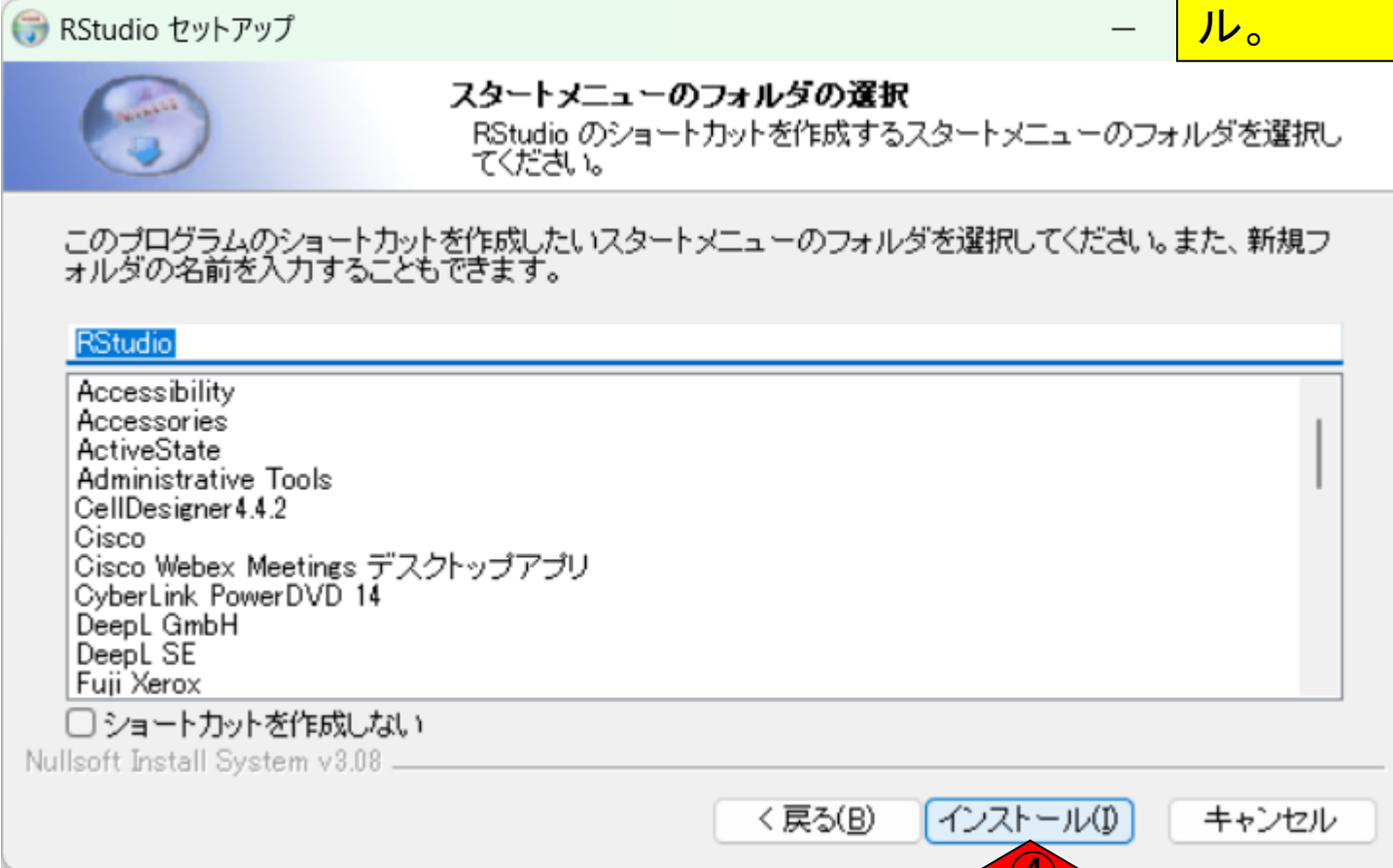
# RStudioのインストール7

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

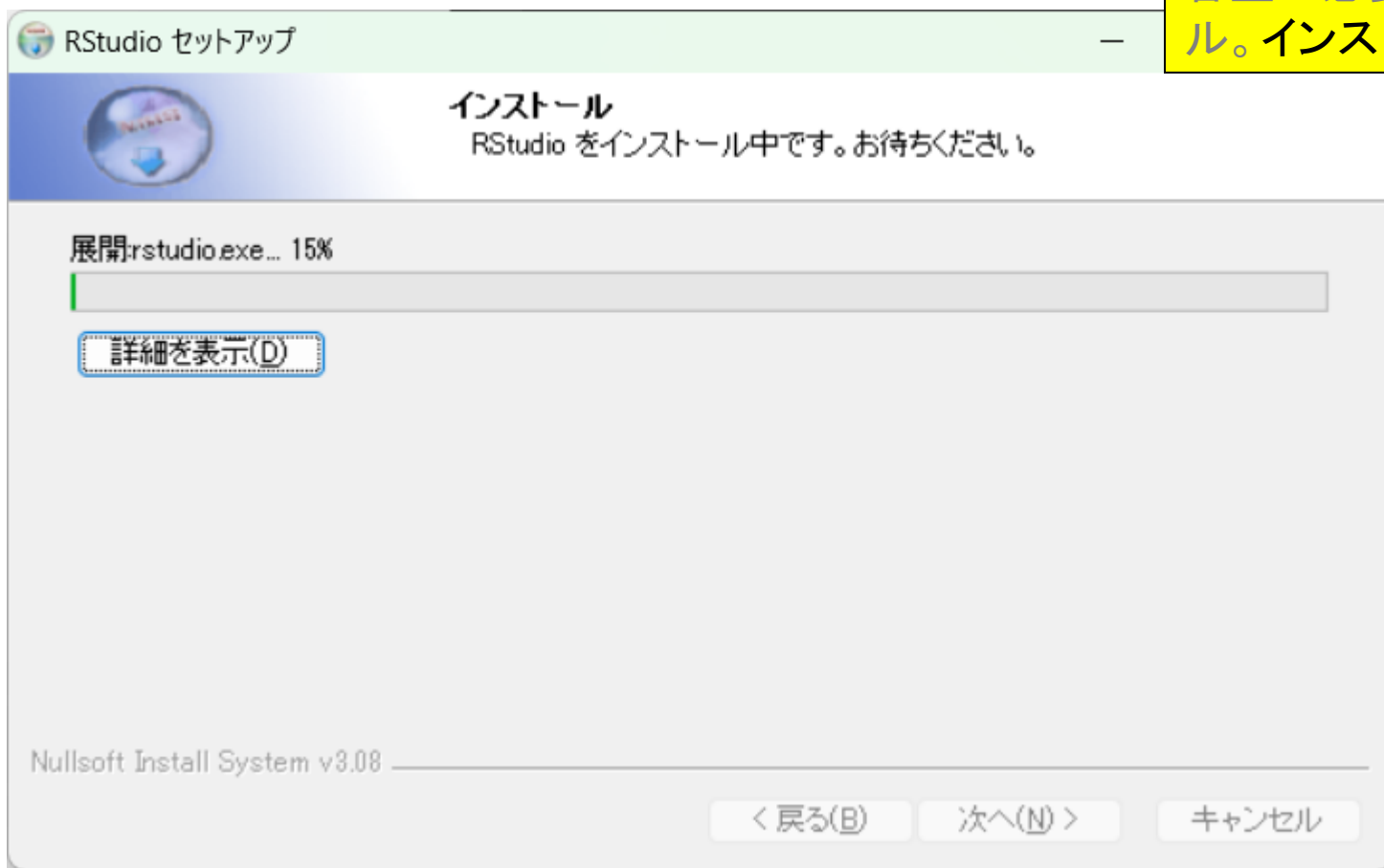
①ここにインストールされます。②RStudioのみで820.6 MBのディスク空き容量が必要です。③次へ。④インストール。





# 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。

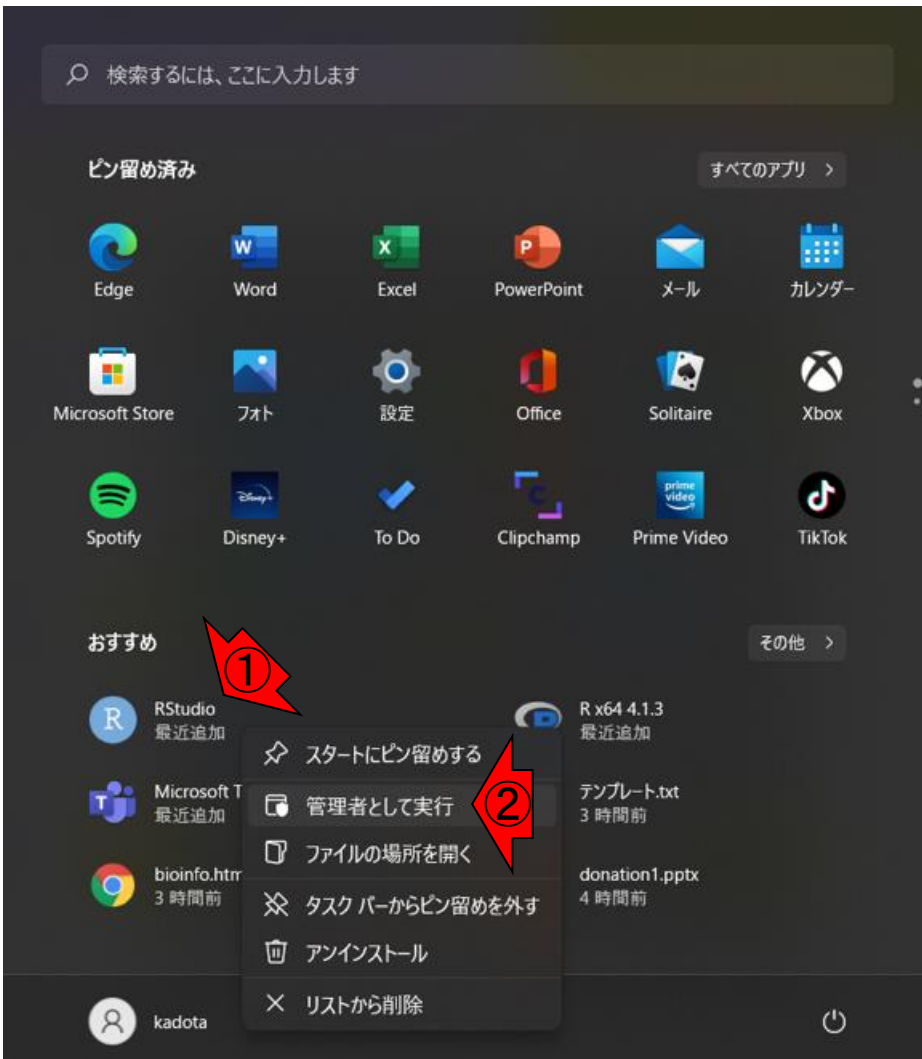


# Contents

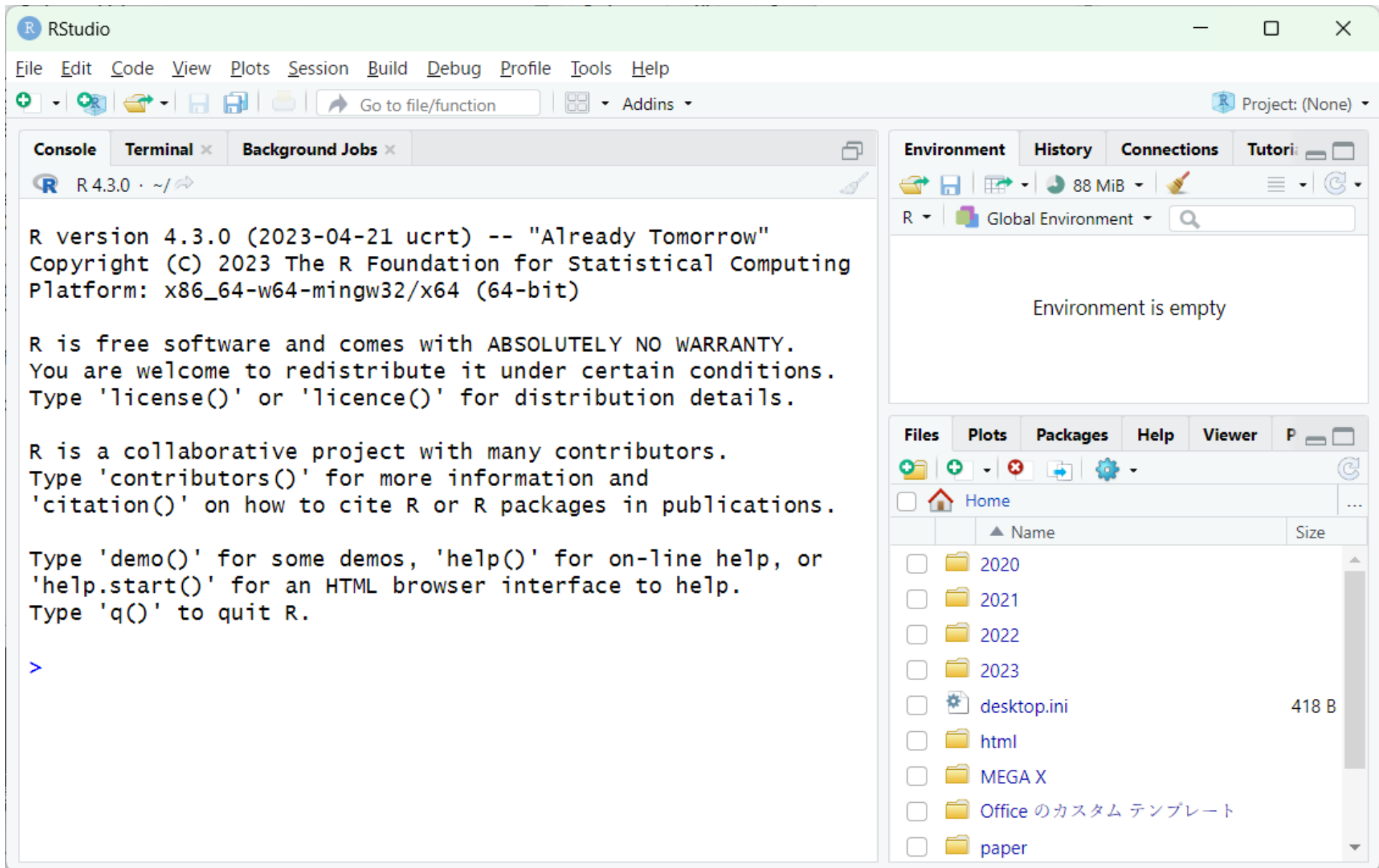
- 事前準備: 古いR情報の削除(任意)
- R本体のインストール
- PC環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了(管理者として起動するのを忘れずに)
- Rパッケージ
  - CRANのパッケージのインストール
  - Bioconductorのパッケージのインストール
  - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

# RStudioの起動1

この部分の見え方はヒト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 `>`.
- 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。

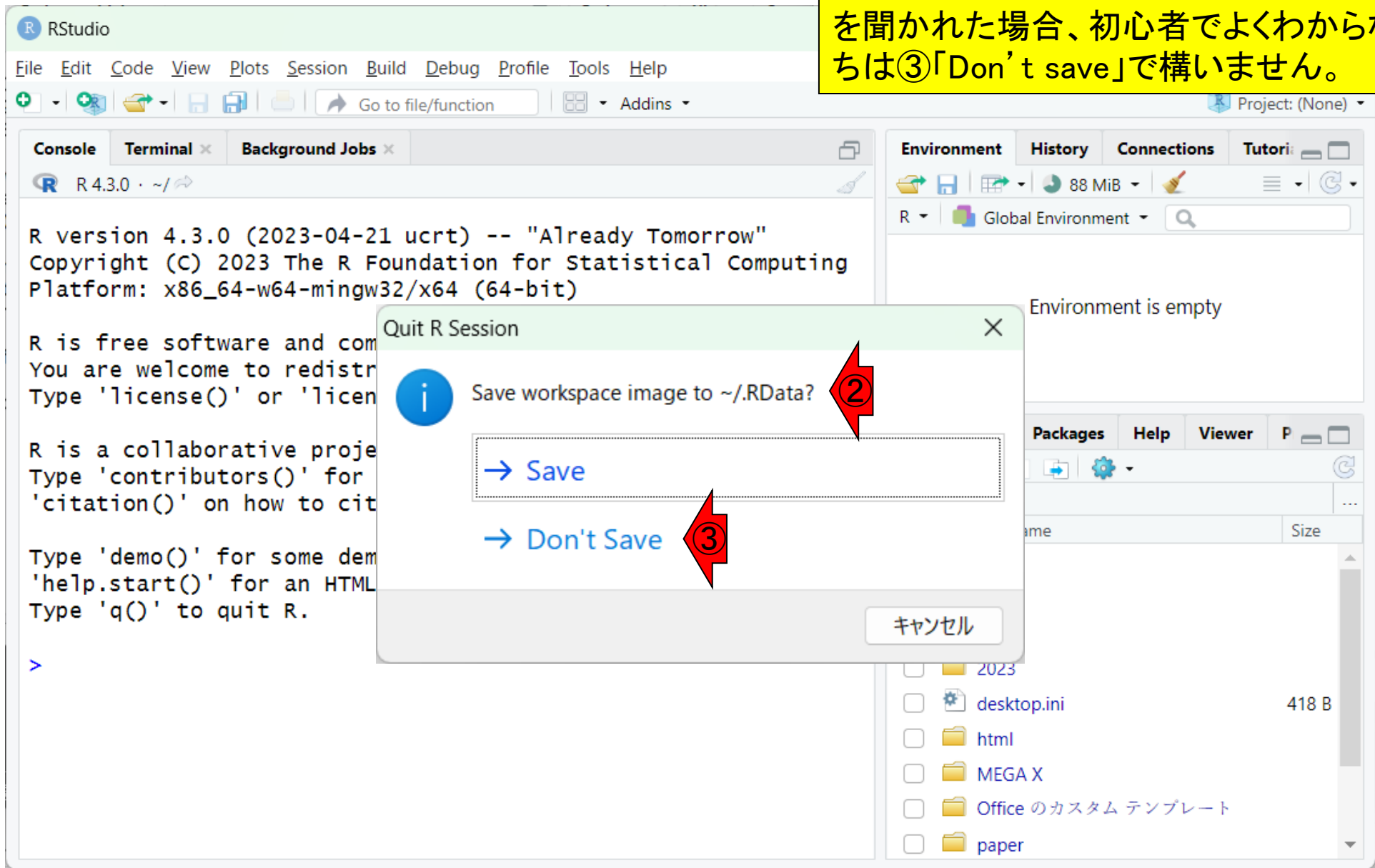
The screenshot shows the RStudio application window. The title bar reads "RStudio" and includes standard window controls (minimize, maximize, close). The menu bar contains "File", "Edit", "Code", "View", "Plots", "Session", "Build", "Debug", "Profile", "Tools", and "Help". Below the menu bar is a toolbar with icons for file operations and a search bar labeled "Go to file/function". The main workspace is divided into several panes:

- Console:** Shows the R version 4.3.0 startup message and a prompt ">".
- Environment:** Shows "Global Environment" and "Environment is empty".
- Files:** Shows a file explorer view of the "Home" directory with folders for years 2020-2023 and files like "desktop.ini", "html", "MEGA X", "Office のカスタム テンプレート", and "paper".

A red arrow with the number "1" points to the close button (X) in the top right corner of the RStudio window.

# 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。

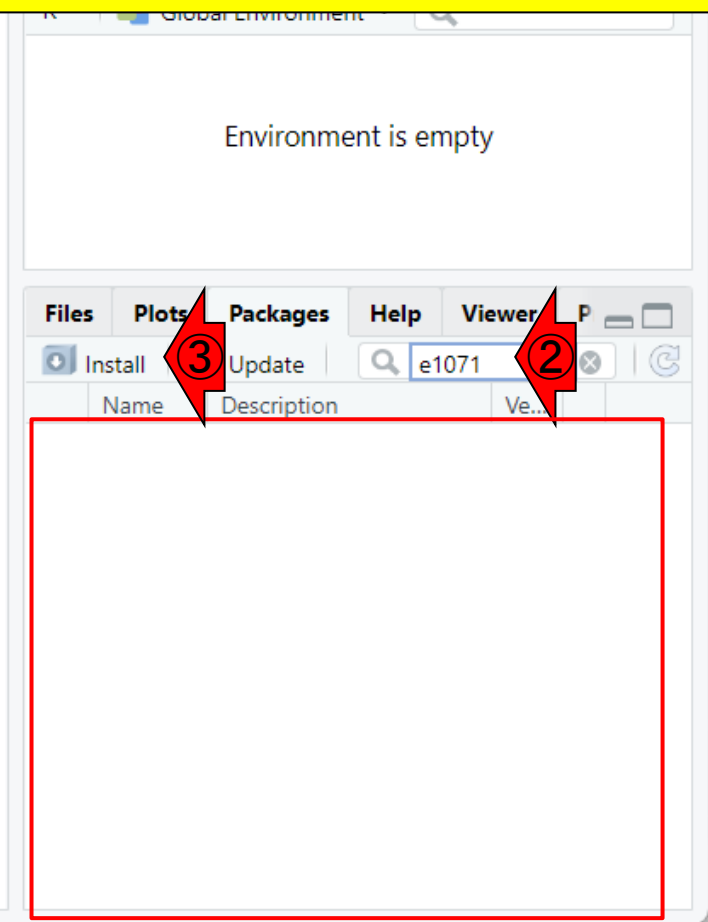
The screenshot shows the RStudio interface. The console on the left displays the R version 4.3.0 startup message. The right-hand pane shows the 'Packages' tab, which is highlighted with a red arrow and a circled '1'. Below the 'Packages' tab, a table titled 'System Library' is visible, enclosed in a red rectangular box. The table lists several installed packages with their names, descriptions, and versions.

	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	0.2-10

# 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…

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):

e

e1071

E4tools

eadrm

eaf

Eagle

EAinference

eAnalytics

earlygating

earlyR

earlywarnings

earth

earthtide

earthtones

Install Cancel

Update e1071

Description Ve...

# 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。

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):** e1071
- Install to Library:** C:/Program Files/R/R-4.3.0/library [Default]
- Install dependencies
- Buttons:** Install (with a red arrow and circled '9' pointing to it), Cancel

The background shows the RStudio console with the following text:

```
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. Many thanks 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.

> |
```

# 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

Environment is empty

Files Plots Packages Help Viewer P

Install	Update	Search	e1071	Refresh
Name	Description	Ve...		

# 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, sup  
computation, bagged clustering, naive Bayes classifier, generalized k-nearest neighb

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

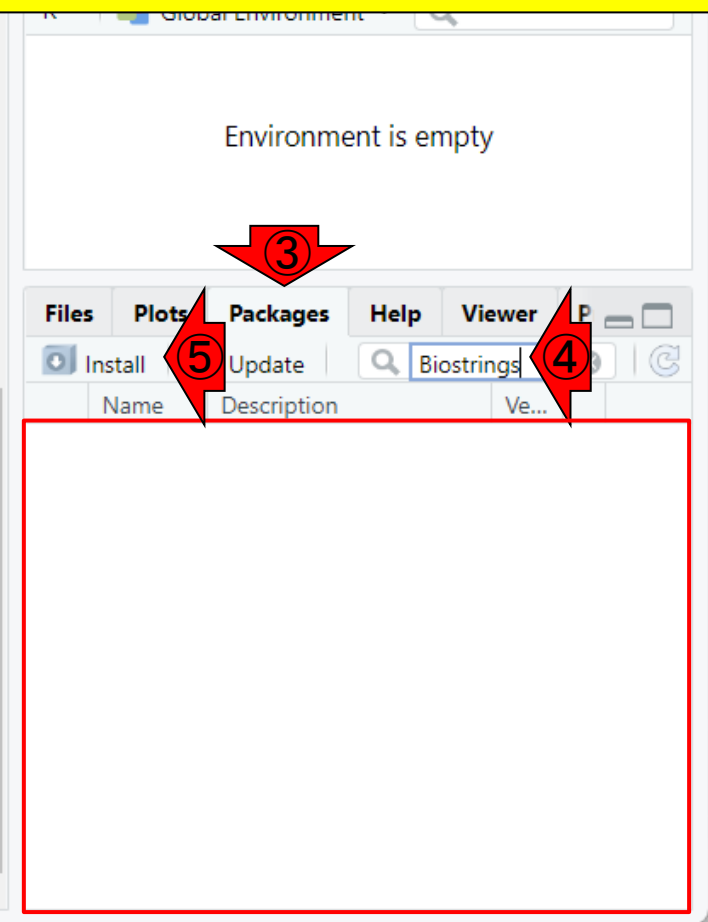
<https://bioconductor.org/packages/Biostrings>



# 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...

RStudio interface showing the 'Install Packages' dialog box. The dialog box is open, and the 'Repository (CRAN)' dropdown is selected (marked with a red arrow and '1'). The 'Packages' list contains 'Bios' (marked with a red arrow and '2'), 'Bios2cor', 'bios2mds', 'biosensors.usc', 'bioseq', 'biosignalEMG', 'bioSNR', 'biospear', 'bioestat3', 'Biostatistics', 'BioStatR', and 'biosurvey'. The background shows the R console with error messages about Rtools and proxy dependencies.

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' はインストールされていません
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、以下に保存されました
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  
> |
```

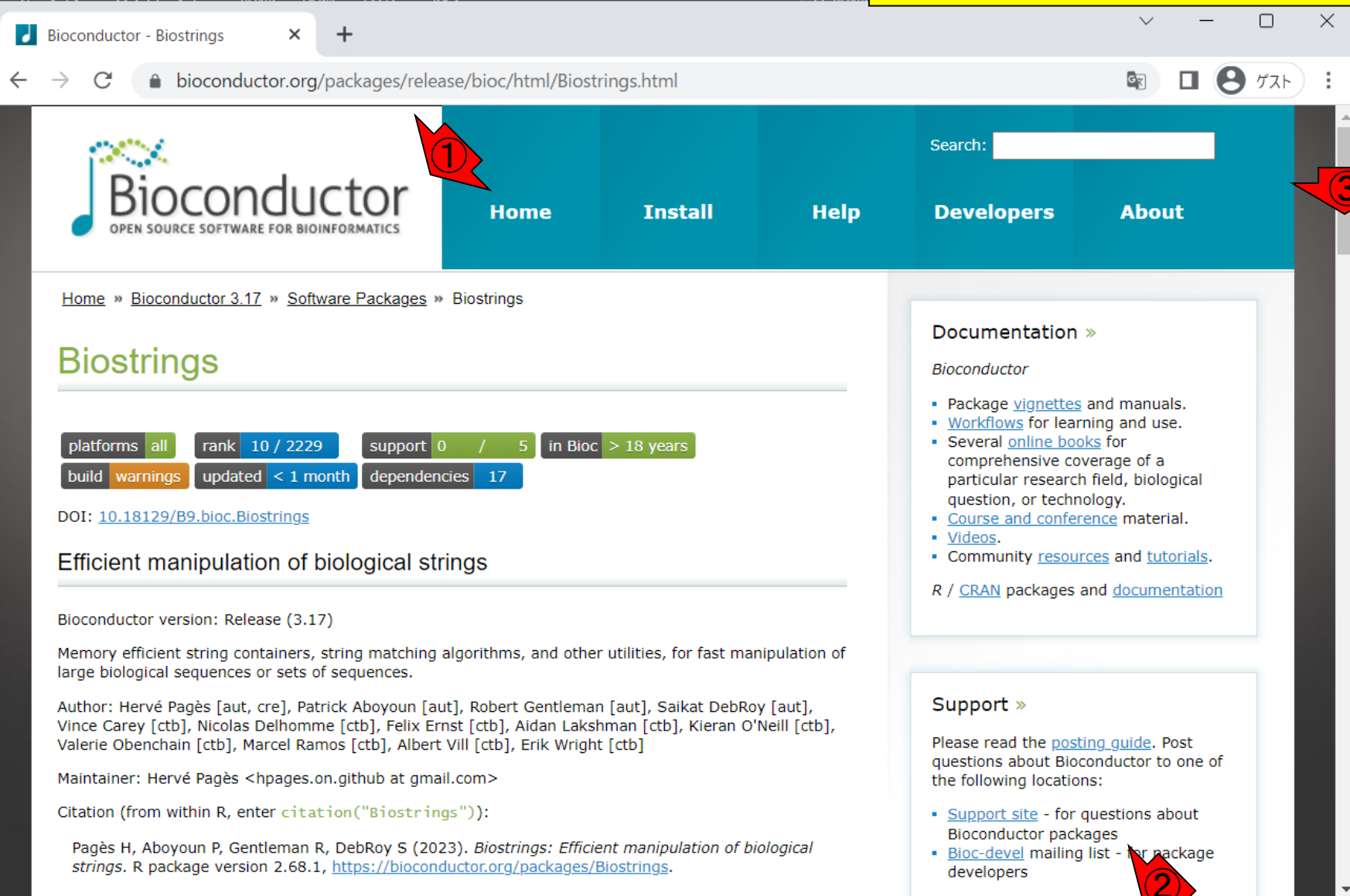
The environment pane on the right shows "Global Environment" and "Environment is empty". The Packages pane at the bottom shows "Biostrings" with "Install" and "Update" buttons.

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 area in the Packages pane below the "Biostrings" entry.

# 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>.

4

## 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")
```

<a href="#">PDF</a>	<a href="#">R Script</a>	A short presentation of the basic classes defined in Biostrings 2
<a href="#">PDF</a>		Biostrings Quick Overview
<a href="#">PDF</a>	<a href="#">R Script</a>	Handling probe sequence information
<a href="#">PDF</a>	<a href="#">R Script</a>	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")
```

<a href="#">PDF</a>	<a href="#">R Script</a>	A short presentation of the basic classes defined in Biostrings 2
<a href="#">PDF</a>		Biostrings Quick Overview
<a href="#">PDF</a>	<a href="#">R Script</a>	Handling probe sequence information
<a href="#">PDF</a>	<a href="#">R Script</a>	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>

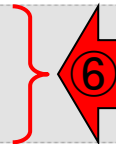
Citation (from within R, enter `citation("Biostrings")`):

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")
```

<a href="#">PDF</a>	<a href="#">R Script</a>	A short presentation of the basic classes defined in Biostrings 2
<a href="#">PDF</a>		Biostrings Quick Overview
<a href="#">PDF</a>	<a href="#">R Script</a>	Handling probe sequence information
<a href="#">PDF</a>	<a href="#">R Script</a>	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。

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Back Ctrl+F9 file/function Addins

Forward Ctrl+F10

Undo Ctrl+Z

Redo Ctrl+Shift+Z

Cut Ctrl+X

Copy Ctrl+C

Paste Ctrl+V

Paste with indent Ctrl+Shift+V

Select All Ctrl+A

Folding

Find in Files... Ctrl+Shift+F

Clear Console Ctrl+L

ip' length 652988 bytes (637 KB)

以下にあります

Data\Local\Temp\Rtmpik312H\download

ngs")

to build R packages but is not currently available for download and install the appropriate version. Proceeding:

.../windows/Rtools/

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

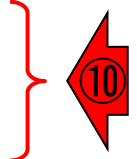
Install Update Biostrings

Name	Description	V...
------	-------------	------

# Bioconductorの... 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
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... 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 Environment pane on the right shows "Global Environment" and "Environment is empty". The Packages pane shows the "System Library" with a list of installed and available packages:

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.:	⊕ ⊗
<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 is as follows:

```
* 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  
>

The Environment pane shows "Environment is empty". The Packages pane shows the search for "Biostrings". A red box highlights the Environment pane, and a red arrow points to the "Refresh" button in the Packages pane.



# 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 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 top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. Below the menu bar is a toolbar with icons for file operations and a search bar labeled 'Go to file/function'. The main workspace is divided into several panes:

- Console:** Shows the R prompt '>' and the R version 'R 4.3.0 · ~/'. There is a broom icon in the top right corner of this pane.
- Environment:** Shows 'Global Environment' and 'Environment is empty'. It includes a broom icon in the top right corner.
- Packages:** Shows a list of installed packages. The 'Biostrings' package is highlighted. It includes 'Install' and 'Update' buttons and a search bar.

	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.

Environment History Connections Tutor

```
To Console To Source  
install.packages("e1071")  
install.packages("Biostrings")  
if (!require("BiocManager", qui...  
install.packages("BiocManager")  
BiocManager::install("Biostring...
```

Files Plots Packages Help Viewer

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

Confirm Clear History

Are you sure you want to clear all history entries?

はい(Y) いいえ(N)

# 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 a list of executed commands. The first command is 'To Console', and the second is '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](#).

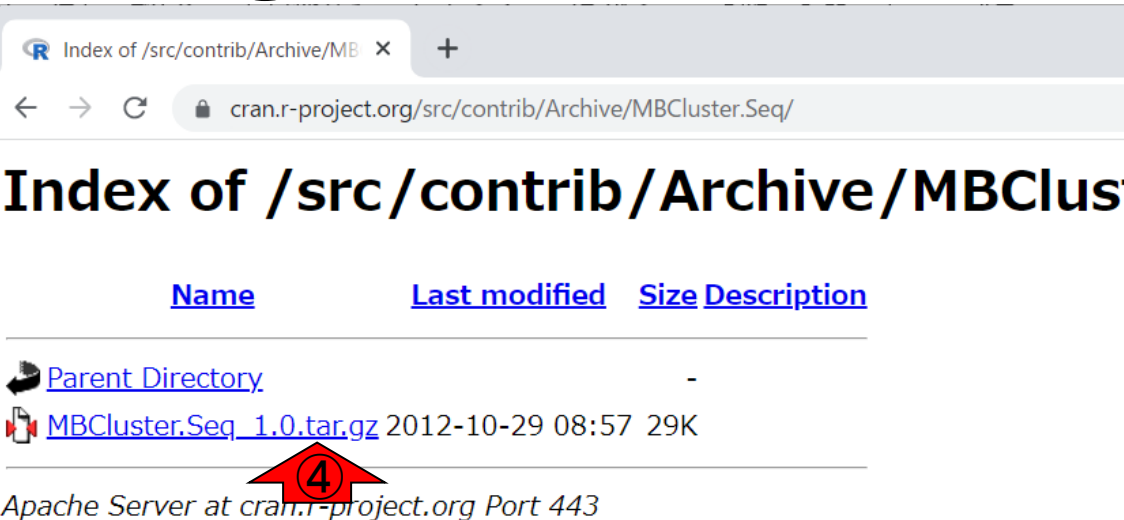
Archived on 2022-06-22 as check problems were not corrected despite reminders.

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>
<a href="#">Parent Directory</a>	-		
<a href="#">MBCluster.Seq_1.0.tar.gz</a>	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。



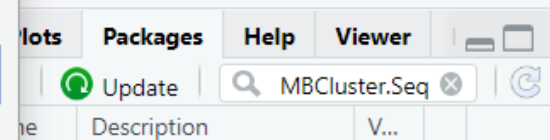
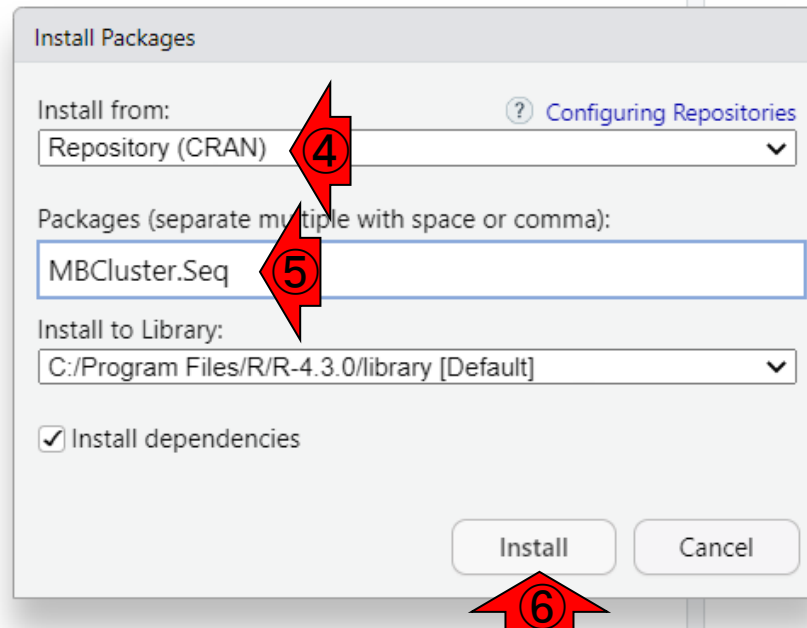
# .tar.gzファイルの... 3

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 divided 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 'Update' button is also visible. A red arrow labeled '1' points to the 'Packages' tab, and another red arrow labeled '2' points to the search results area.

# .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。



# .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 search bar contains "MBCluster.Seq" and the "Install" button is highlighted. A table below the search bar has columns for "Name", "Description", and "V...".

Red arrows with circled numbers point to specific elements: Arrow 1 points to the command in the console, Arrow 2 points to the "Install" button, and Arrow 3 points to the search bar.

# .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 menu 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. The 'Install' button is highlighted with a red arrow labeled ④. In the background, the 'Packages' pane shows 'MBCluster.Seq' with an 'Install' button also highlighted with 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: `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.`
- Terminal:** Shows the command `install.packages("MBCluster.Seq")` and the output: `Warning in install.packages("MBCluster.Seq"):`
- Environment:** Shows the command `install.packages("MBCluster.Seq")` and the output: `install.packages("MBCluster.Seq")`
- Files:** Shows the command `install.packages("MBCluster.Seq")` and the output: `install.packages("MBCluster.Seq")`
- Install Packages dialog:** A dialog box is open with the following settings:
  - Install from:** A dropdown menu with three options: "Repository (CRAN)", "Repository (CRAN)", and "Package Archive File (.zip; .tar.gz)". A red arrow labeled "6" points to the "Package Archive File (.zip; .tar.gz)" option.
  - Install to Library:** A dropdown menu with the value "C:/Program Files/R/R-4.3.0/library [Default]".
  - Install dependencies:** A checked checkbox.
  - Buttons:** "Install" and "Cancel".

# .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

> i  
WAR  
ntl  
ion  
htt  
War  
p  
A v  
le  
see  
htt  
sta  
>

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
obtaining_result			

ファイル名(N):  All Files (\*.\*)

Open キャンセル

Viewer  
cluster.Seq  
V...

# .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 displaying the 'Downloads' folder, and the file 'MBCluster.Seq\_1.0.tar.gz' is selected. A red arrow points to the file name, labeled with a circled '8'. Another red arrow points to the 'Open' button, labeled with a circled '9'. The background shows the RStudio interface with the Console and Terminal tabs visible.

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

ファイル名(N): MBCluster.Seq\_1.0.tar.gz

Open キャンセル

# .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, there is a URL `https://cran.r-project.org/web/packages/MBCluster.Seq/index.html` and a message: `A version of this package is available elsewhere, see the ideas at https://cran.r-project.org/web/packages/MBCluster.Seq/installing-package.html`.
- Terminal:** Shows the command `install.packages("MBCluster.Seq")` being executed.
- Environment:** Shows the command `install.packages("MBCluster.Seq")` in the History pane.
- Files:** Shows the package `MBCluster.Seq` in the Packages pane.
- Install Packages Dialog:** A dialog box is open with the following fields:
  - Install from:** Package Archive File (.zip; .tar.gz)
  - Package archive:** `.../Downloads/MBCluster.Seq_1.0.tar.gz` (with a "Browse..." button)
  - Install to Library:** `C:/Program Files/R/R-4.3.0/library [Default]`
  - Buttons:** "Install" and "Cancel".

Red arrows with numbers 1 and 2 point to the "Package archive" field and the "Install" button, respectively.



# .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 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 about the R version, a link to the R-admin manual, and a successful installation of the 'MBCluster.Seq' package using staged installation.
- Terminal:** Shows the R prompt and the execution of `install.packages("C:/Users/kadota/Downloads/MBCluster.Seq_1.0.tar.gz", repos = NULL, type = "source")`. A red arrow labeled '3' points to this command.
- Environment:** Shows the installed packages, including 'MBCluster.Seq'.
- Files:** Shows the 'Install' button in the Packages pane, which is highlighted with a red arrow labeled '3'.

```
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

