

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
X(旧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I

全て自己責任のもとでですが、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

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



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



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

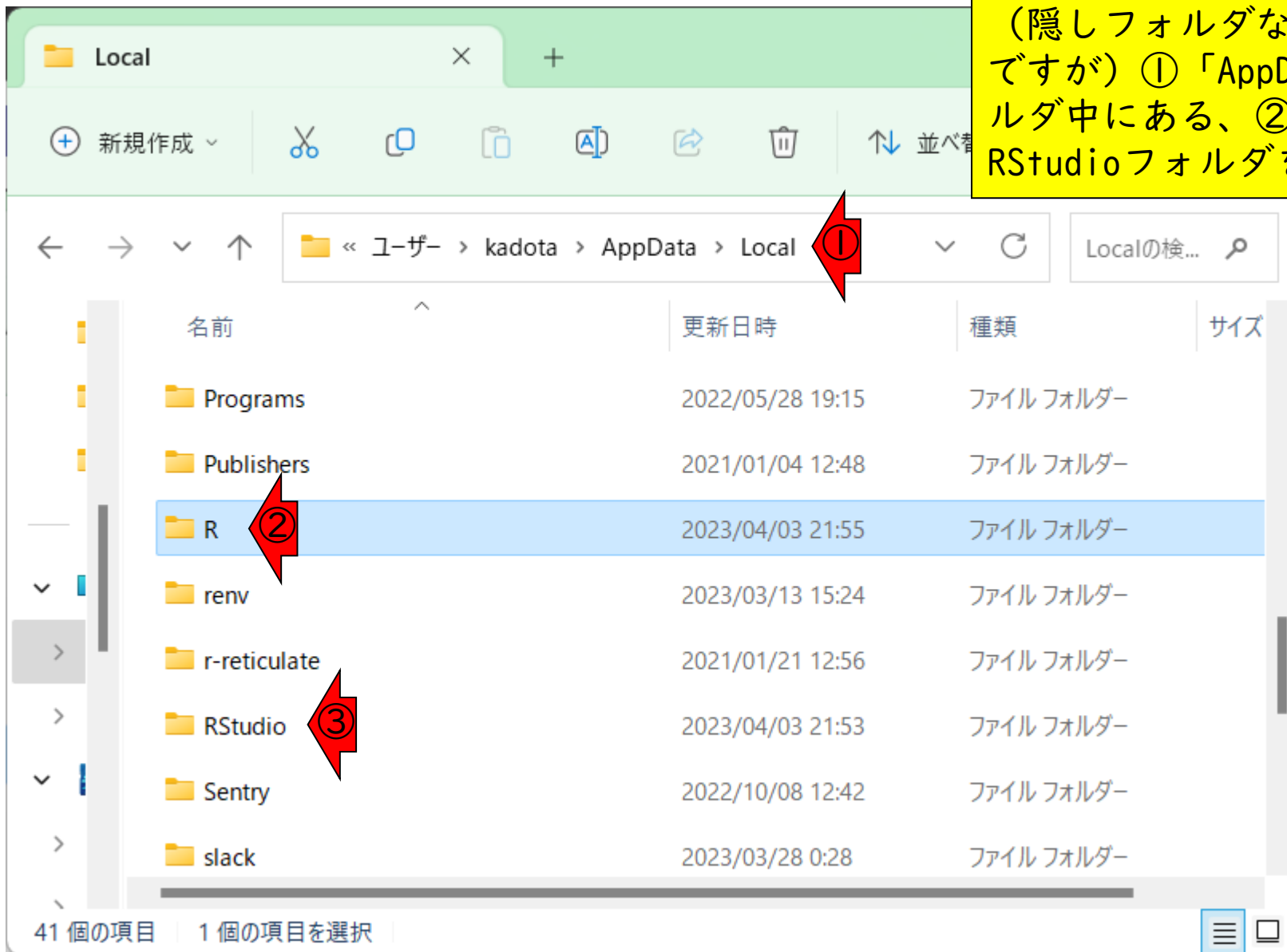
アクセシビリティ

アプリ > アプリと機能

	Python Launcher 3.9.7400.0 Python Software Foundation 2021/04/07	1.80 MB	⋮
	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		

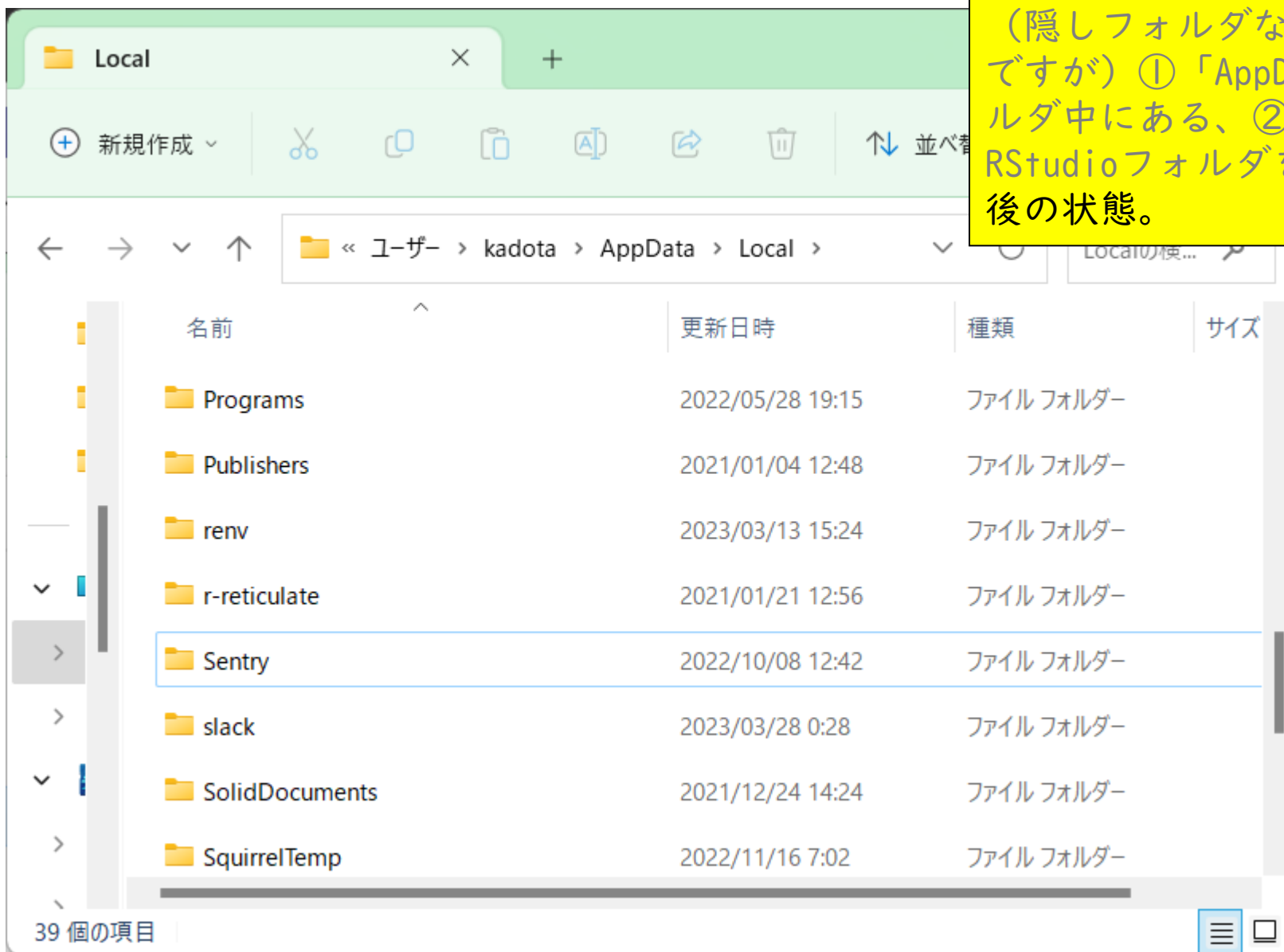
事前準備3

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、③
RStudio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。

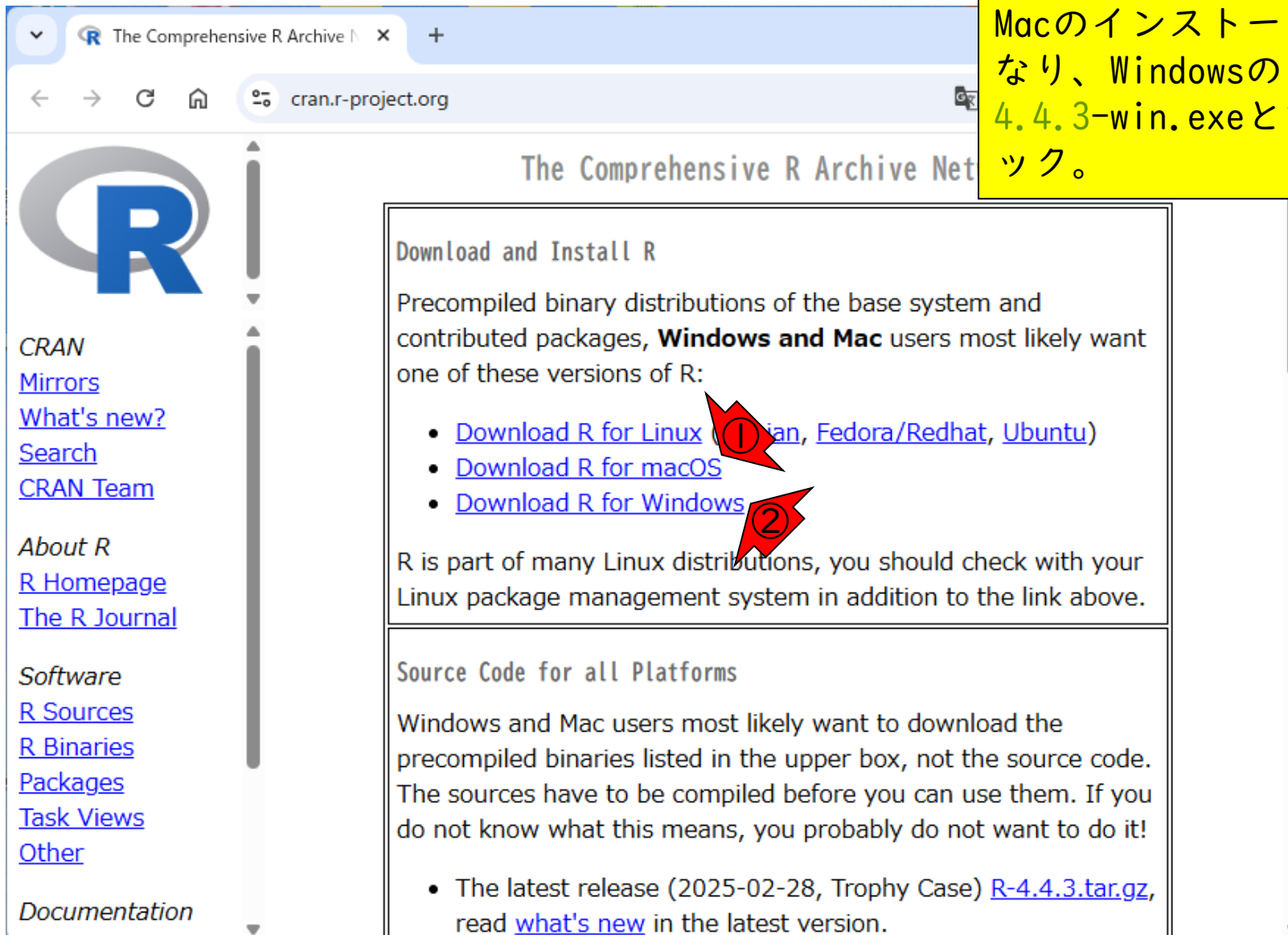


Contents

- 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

①Macユーザはこちら。②Windowsユーザはこちら。2025年4月2日現在の最新バージョンは4.4.3。この場合、MacのインストーラはR-4.4.3.pkgとなり、Windowsのインストーラは、R-4.4.3-win.exeとなります。②をクリック。



The screenshot shows the CRAN website with the following content:

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](#) (①) [Debian](#), [Fedora/Redhat](#), [Ubuntu](#))
- [Download R for macOS](#)
- [Download R for Windows](#) (②)

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 (2025-02-28, Trophy Case) [R-4.4.3.tar.gz](#), read [what's new](#) in the latest version.

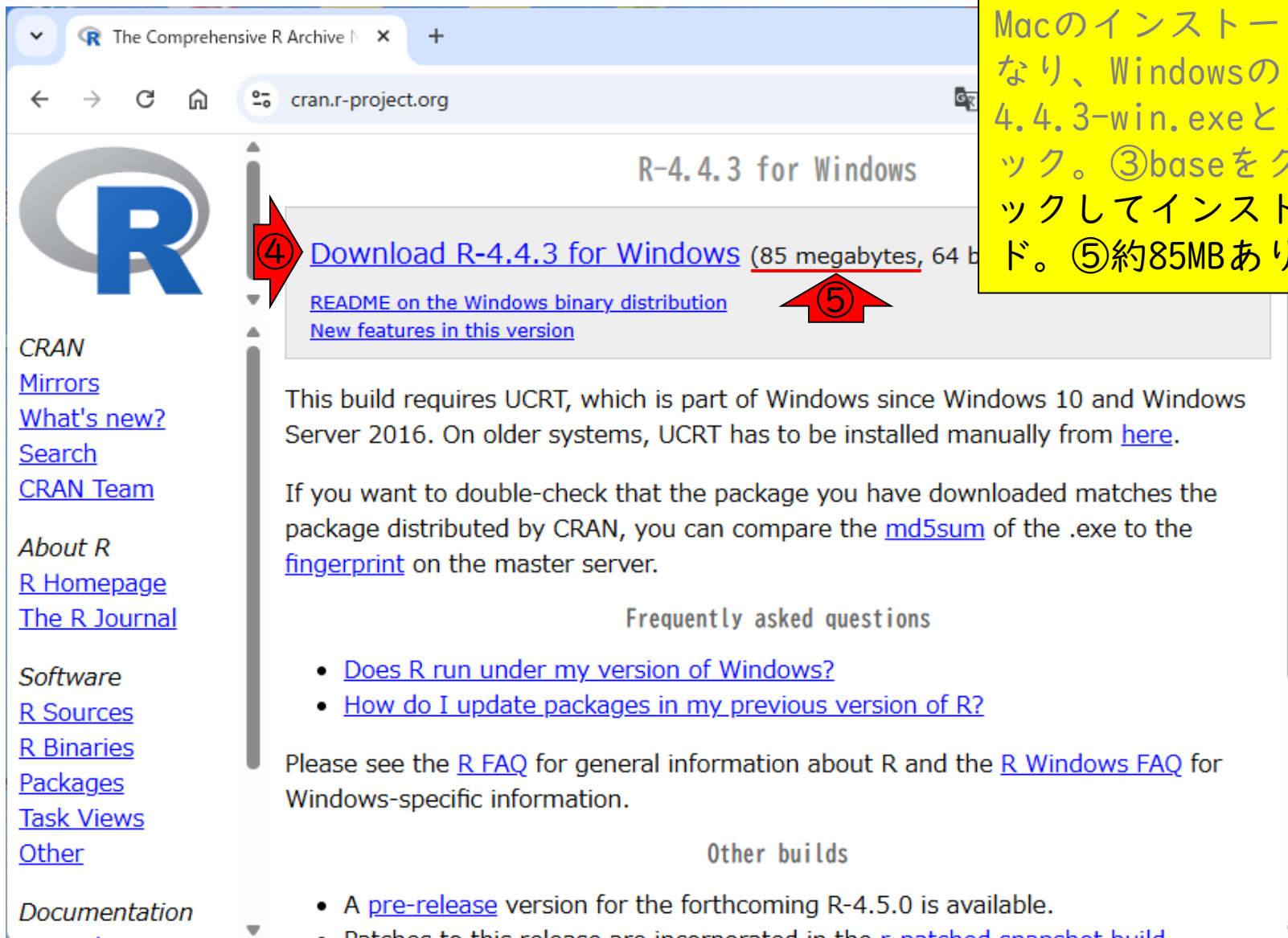
<https://cran.r-project.org/>

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。2025年4月2日現在の最新バージョンは4.4.3。この場合、MacのインストーラはR-4.4.3.pkgとなり、Windowsのインストーラは、R-4.4.3-win.exeとなります。②をクリック。③baseをクリック。

The screenshot shows the CRAN website for Windows. The browser address bar shows 'cran.r-project.org'. The page title is 'R for Windows'. On the left, there is a sidebar 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, Other, and Documentation. The main content area is titled 'Subdirectories:' and lists four options: 'base', 'contrib', 'old contrib', and 'Rtools'. Each option has a description. A red arrow points to the 'base' link, which is labeled with a circled '3'. The descriptions are: 'base' (Binaries for base distribution. This is what you want to **install R for the first time.**), 'contrib' (Binaries of contributed CRAN packages (for R >= 4.0.x).), 'old contrib' (Binaries of contributed CRAN packages for outdated versions of R (for R < 4.0.x).), and '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.). Below the subdirectories, there is a note: '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.' and a link to 'R FAQ' and 'R for Windows FAQ'. At the bottom, there is a note: 'Note: CRAN does some checks on these binaries for viruses, but cannot give guarantees. Use the normal precautions with downloaded executables.'

R本体のインストール 3



The screenshot shows the CRAN website for R-4.4.3 for Windows. The browser address bar shows cran.r-project.org. The page title is "R-4.4.3 for Windows". The main content area has a link "Download R-4.4.3 for Windows (85 megabytes, 64 bit)" with a red arrow pointing to it labeled "4". Below this link are two sub-links: "README on the Windows binary distribution" and "New features in this version", with a red arrow pointing to the first one labeled "5". The left sidebar contains 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", "Other", and "Documentation". The main content area also includes a paragraph about UCRT requirements, a section for "Frequently asked questions" with two links, and a section for "Other builds" with one link.

R-4.4.3 for Windows

[Download R-4.4.3 for Windows](#) (85 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.

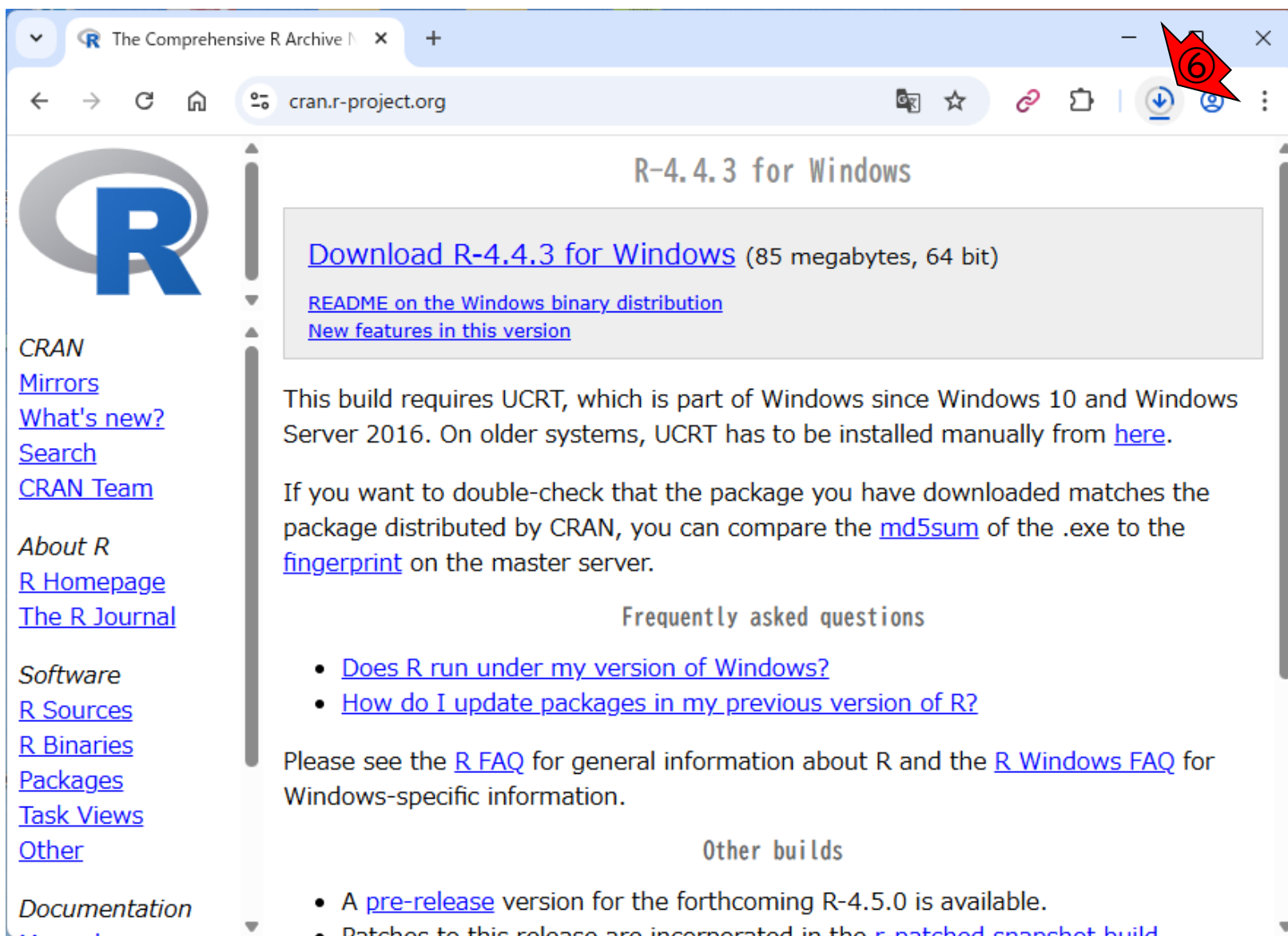
Other builds

- A [pre-release](#) version for the forthcoming R-4.5.0 is available.
- Patches to this release are incorporated in the [patched snapshot build](#).

①Macユーザはこちら。②Windowsユーザはこちら。2025年4月2日現在の最新バージョンは4.4.3。この場合、MacのインストーラはR-4.4.3.pkgとなり、Windowsのインストーラは、R-4.4.3-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85MBあります。

R本体のインストール 4

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 a web browser window with the address bar displaying "cran.r-project.org". The page title is "R-4.4.3 for Windows". The main content area features a large blue "R" logo on the left and a download button labeled "Download R-4.4.3 for Windows (85 megabytes, 64 bit)". Below the download button are links for "README on the Windows binary distribution" and "New features in this version". The page also includes a section for "Frequently asked questions" with links to "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 section for "Other builds" with a link to a "pre-release" version of R-4.5.0. A red arrow with the number 6 points to the download icon in the browser's toolbar.

CRAN

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

About R

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

Software

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

Documentation

R-4.4.3 for Windows

[Download R-4.4.3 for Windows](#) (85 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

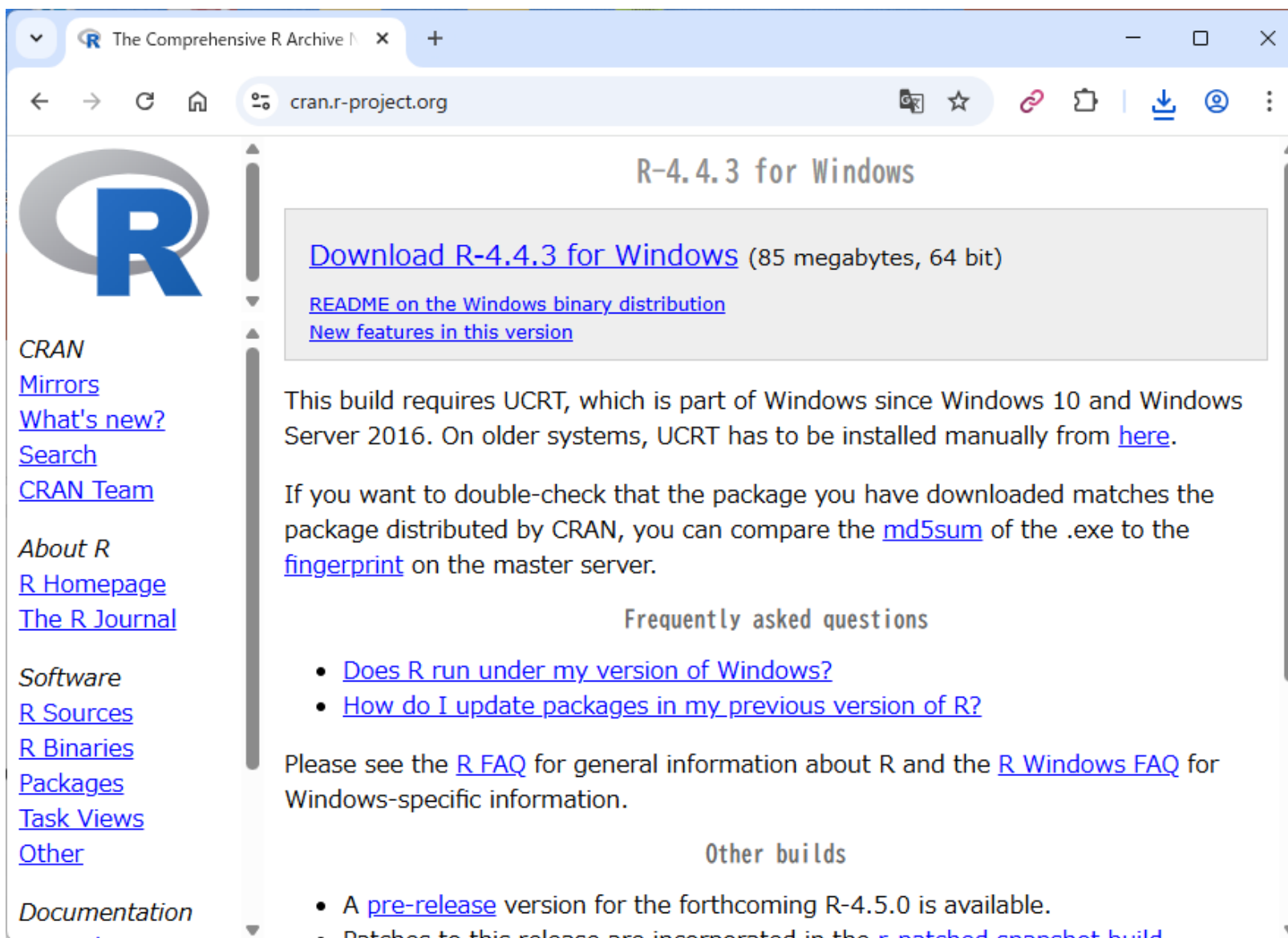
- [Does R run under my version of Windows?](#)
- [How do I update packages in my previous version of R?](#)

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

Other builds

- A [pre-release](#) version for the forthcoming R-4.5.0 is available.
- Patches to this release are incorporated in the [patched snapshot build](#).

R本体のインストール 5



The screenshot shows a web browser window with the address bar displaying "cran.r-project.org". The page title is "R-4.4.3 for Windows". The main content area features a large blue "R" logo on the left and a download link "Download R-4.4.3 for Windows (85 megabytes, 64 bit)" in the center. Below the download link are two sub-links: "README on the Windows binary distribution" and "New features in this version". The text below these links 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." 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?](#)". The text continues: "Please see the [R FAQ](#) for general information about R and the [R Windows FAQ](#) for Windows-specific information." At the bottom is a section titled "Other builds" with two bullet points: "• A [pre-release](#) version for the forthcoming R-4.5.0 is available." and "• Patches to this release are incorporated in the [patched snapshot build](#)". On the left side of the page, there is a sidebar 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", "Other", and "Documentation".

R-4.4.3 for Windows

[Download R-4.4.3 for Windows](#) (85 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

- A [pre-release](#) version for the forthcoming R-4.5.0 is available.
- Patches to this release are incorporated in the [patched snapshot build](#).

CRAN

[Mirrors](#)

[What's new?](#)

[Search](#)

[CRAN Team](#)

About R

[R Homepage](#)

[The R Journal](#)

Software

[R Sources](#)

[R Binaries](#)

[Packages](#)

[Task Views](#)

[Other](#)

Documentation

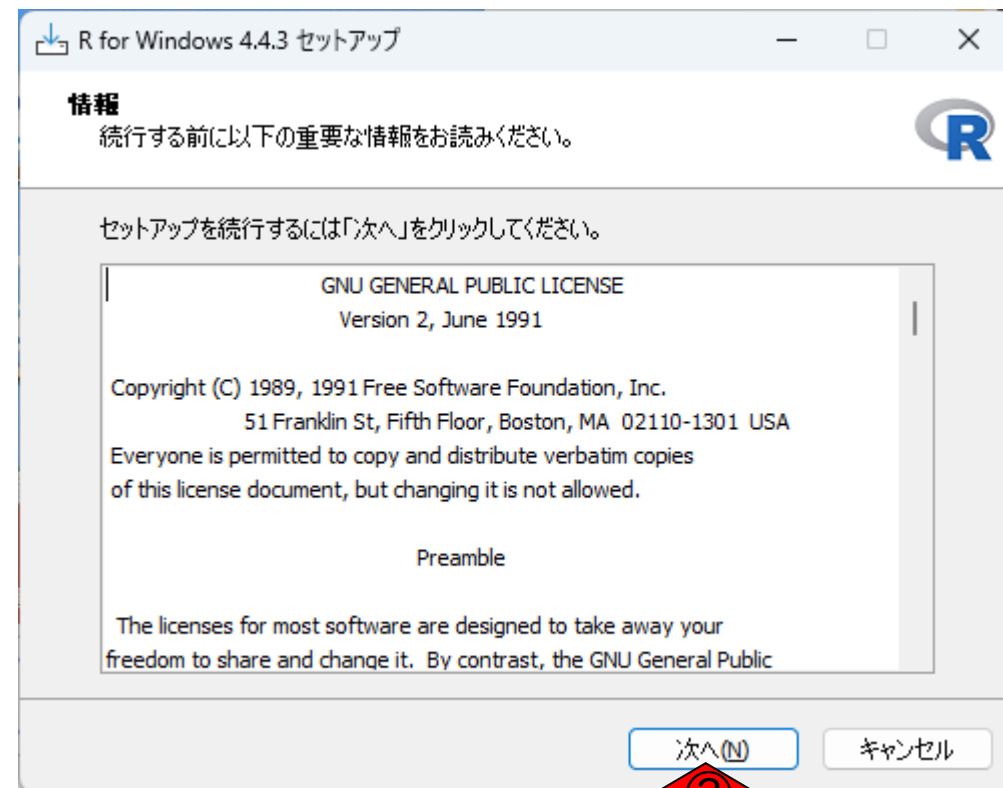
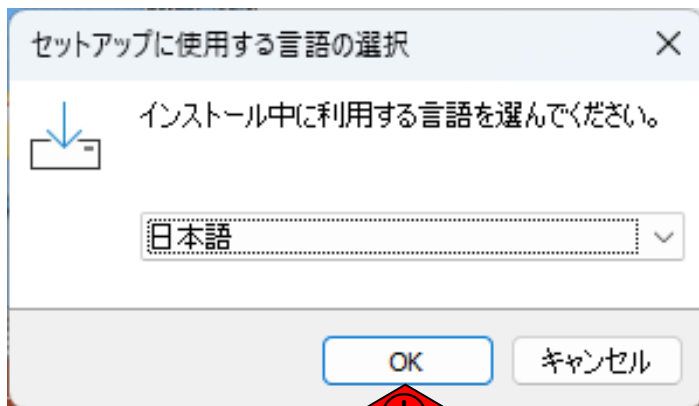
R本体のインストール 6

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-4.4.3-win.exeをダブルクリック。

The screenshot shows the CRAN website for R-4.4.3 for Windows. The page title is "R-4.4.3 for Windows". The main content area has a link "Download R-4.4.3 for Windows (85 megabytes, 64 bit)". Below this link, there is a section titled "This build requires UCRT, v" and "Server 2016. On older syst". Another section says "If you want to double-check package distributed by CRAN, see [fingerprint](#) on the master s". There are two bullet points: "• [Does R run under my](#)" and "• [How do I update pack](#)". At the bottom, it says "Please see the [R FAQ](#) for g" and "Windows-specific information."

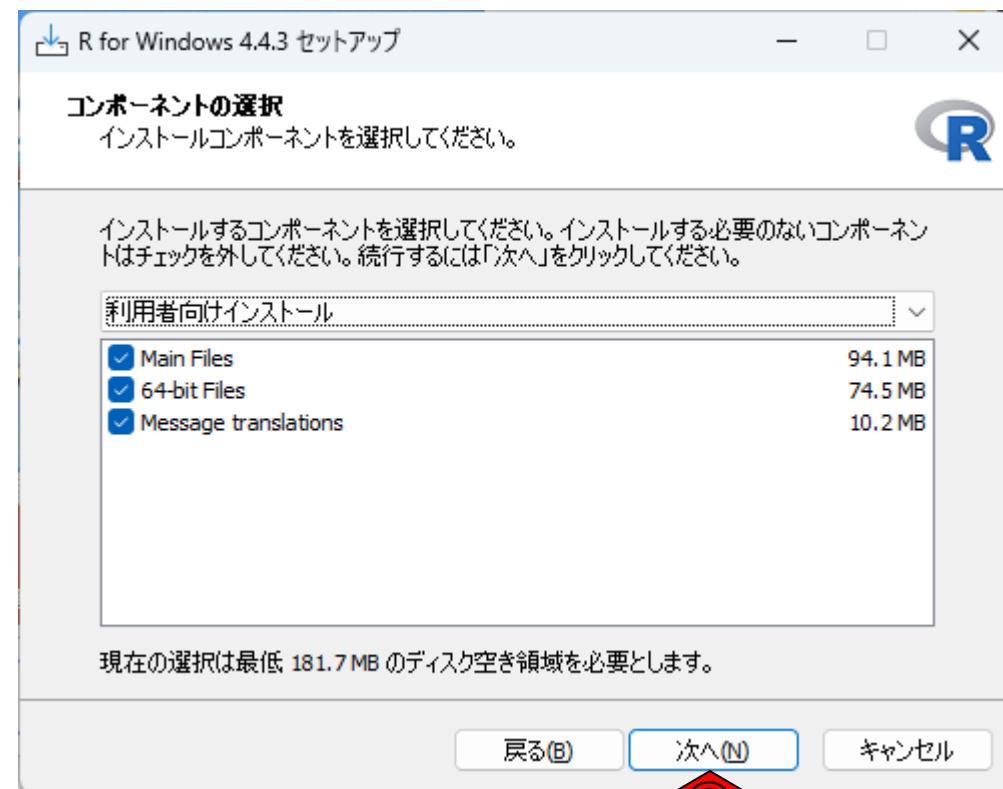
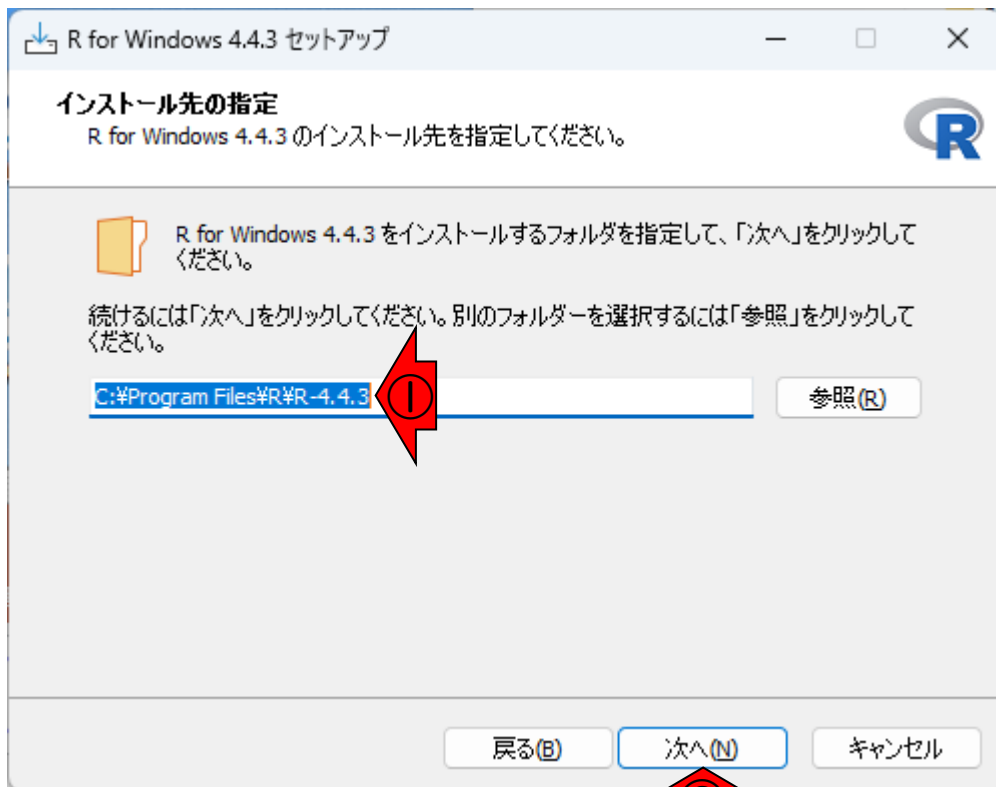
Overlaid on the website is a Windows File Explorer window titled "ダウンロード". The address bar shows "ダウンロード". The file list has columns "名前", "サイズ", and "種類". Under the "今日" folder, there is a file named "R-4.4.3-win.exe" with a size of "86,252 KB" and type "アプリケーション". Red arrows point to the "ダウンロード" button in the address bar (labeled ①) and the "R-4.4.3-win.exe" file (labeled ②).

R本体のインストール 7



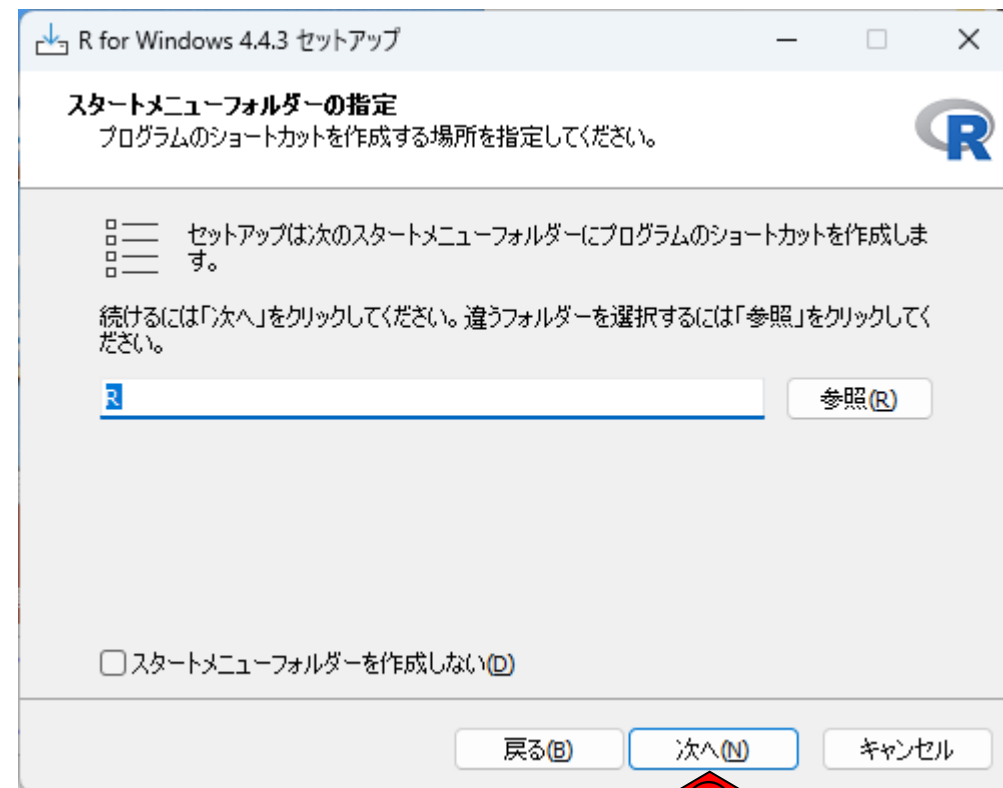
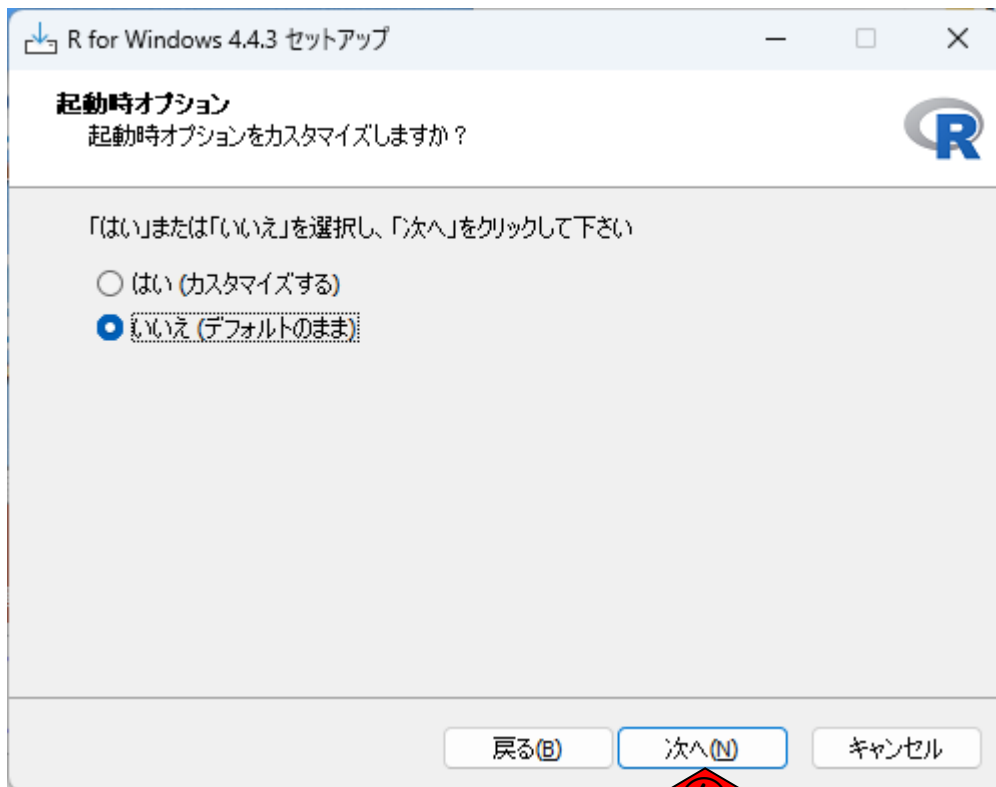
R本体のインストール 8

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。



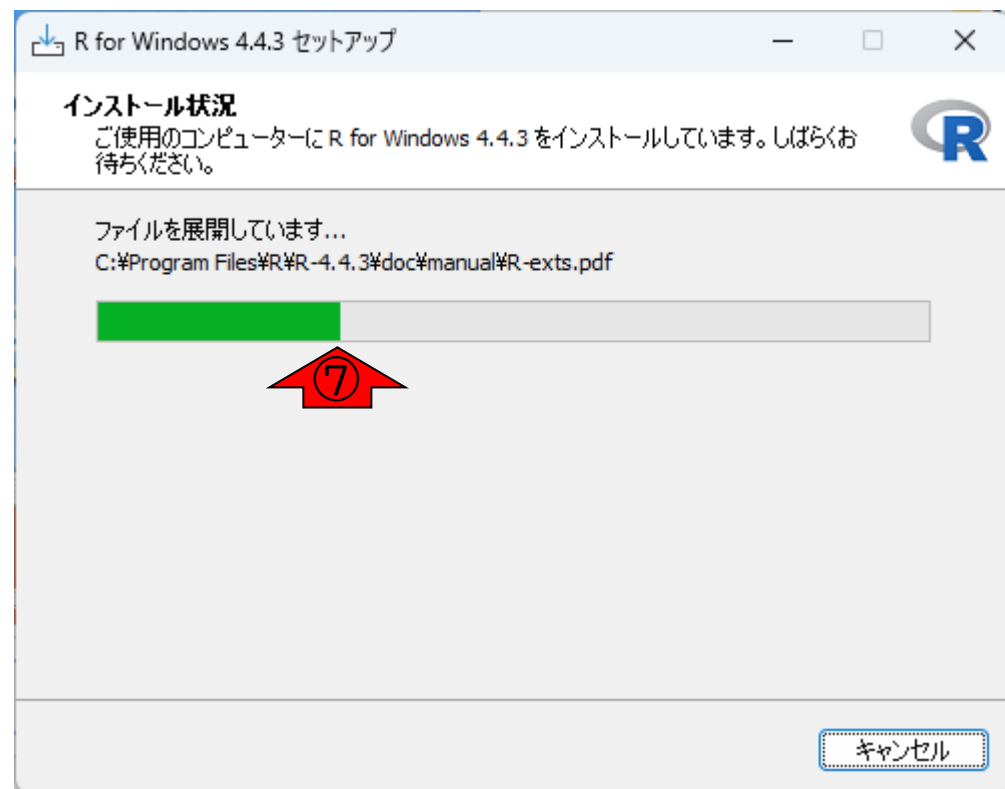
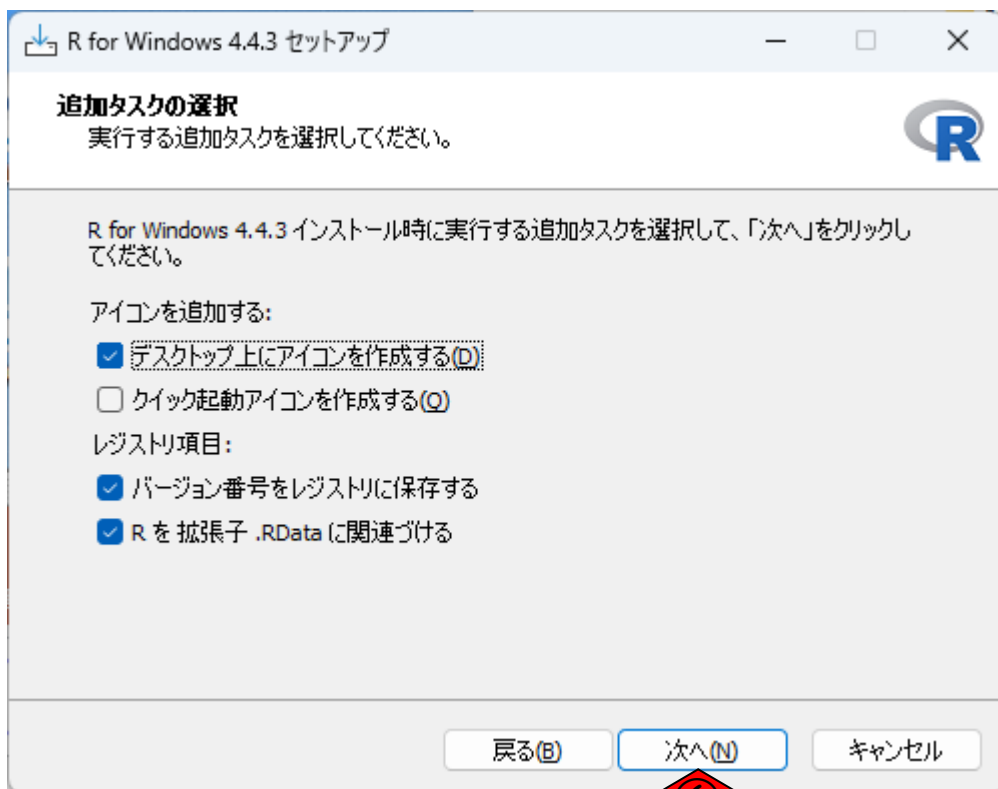
R本体のインストール 9

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。



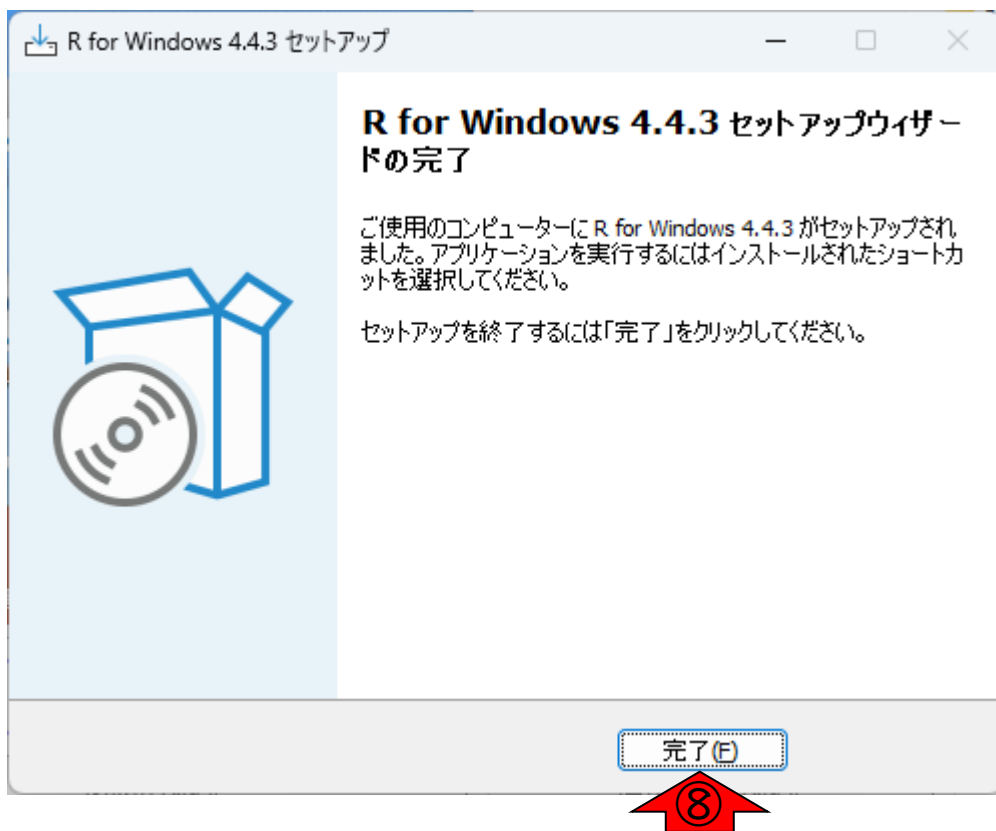
R本体のインストール 1

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 1

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。



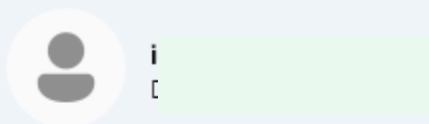
Contents

- 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I

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



DESKTOP-3052LTJ

CFSV9-1

[名前の変更](#)

設定の検索



ホーム



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



Microsoft 365

[特典を表示](#)



OneDrive

[サインイン](#)



Windows Update

最終チェック日時: 5 時間前



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

アプリとシステムからのアラート、応答不可



フォーカス

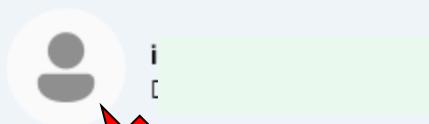
集中の妨げとなる通知を減らす



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-3052LTJ

CFSV9-1

名前の変更



Microsoft 365

特典を表示



OneDrive

サインイン



Windows Update

最終チェック日時: 5 時間前

拡張子



ファイルの種類ごとに既定のアプリを選ぶ



エクスプローラーにファイルの拡張子を表示する



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



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

アプリとシステムからのアラート、応答不可



フォーカス

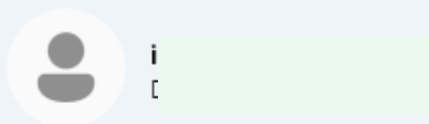
集中の妨げとなる通知を減らす



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オンの設定。

← 設定



設定の検索



ホーム

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

システム > 開発者向け

Q= デバイスが USB 接続とローカル ネットワークに表
します。



タスクの終了

タスク バーのタスクの終了を右クリックで有効にする

オフ



エクスプローラー

エクスプローラーを使用して、これらの設定を調整して開発者に優しいエクスペリエンスを実現します

ファイル拡張子を表示する

オン

非表示のファイルとシステム ファイルを表示する

オフ

タイトル バーに完全なパスを表示する

オフ

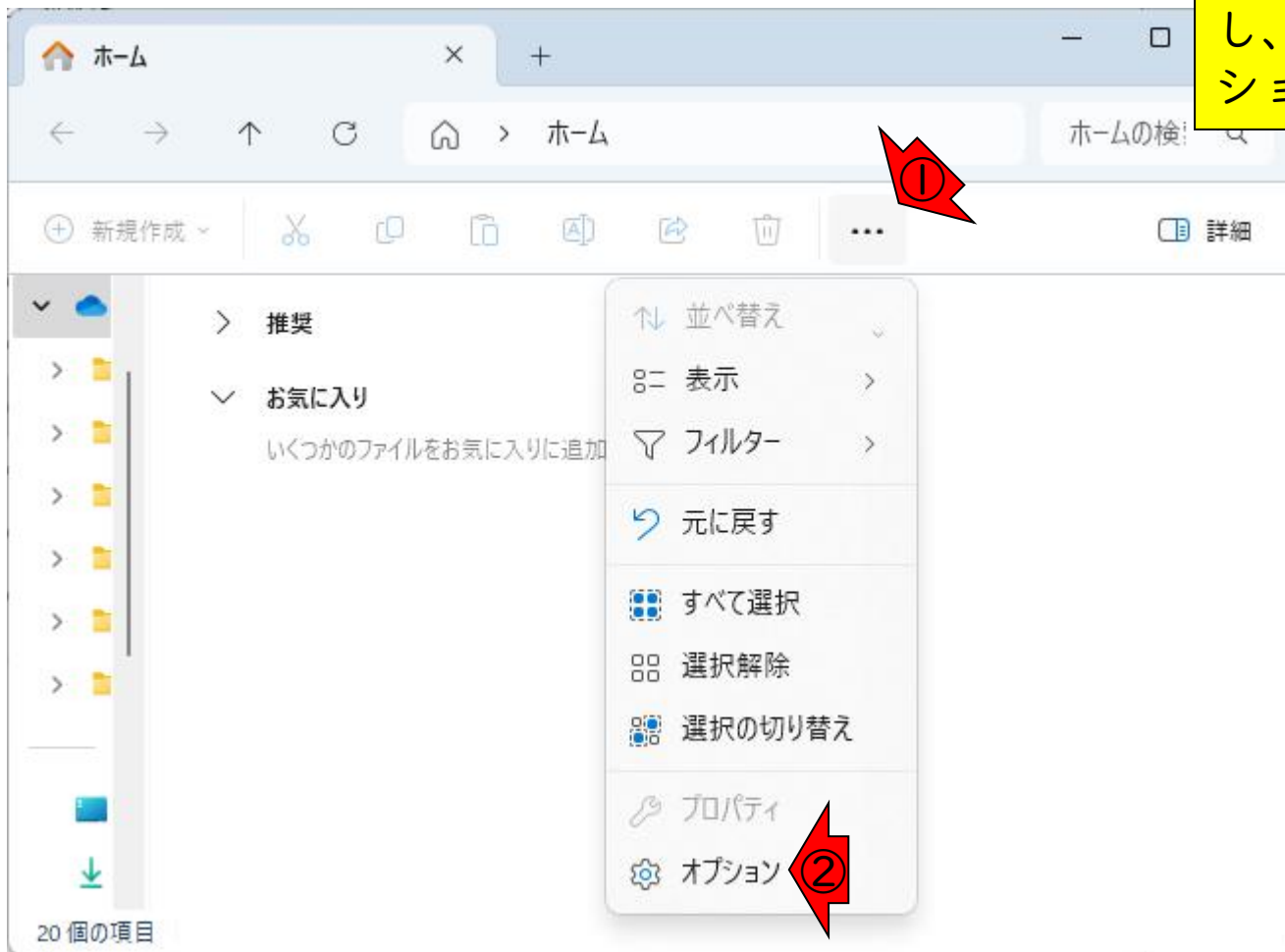
スタート画面で別のユーザーとして実行するオプションを
表示する

オフ



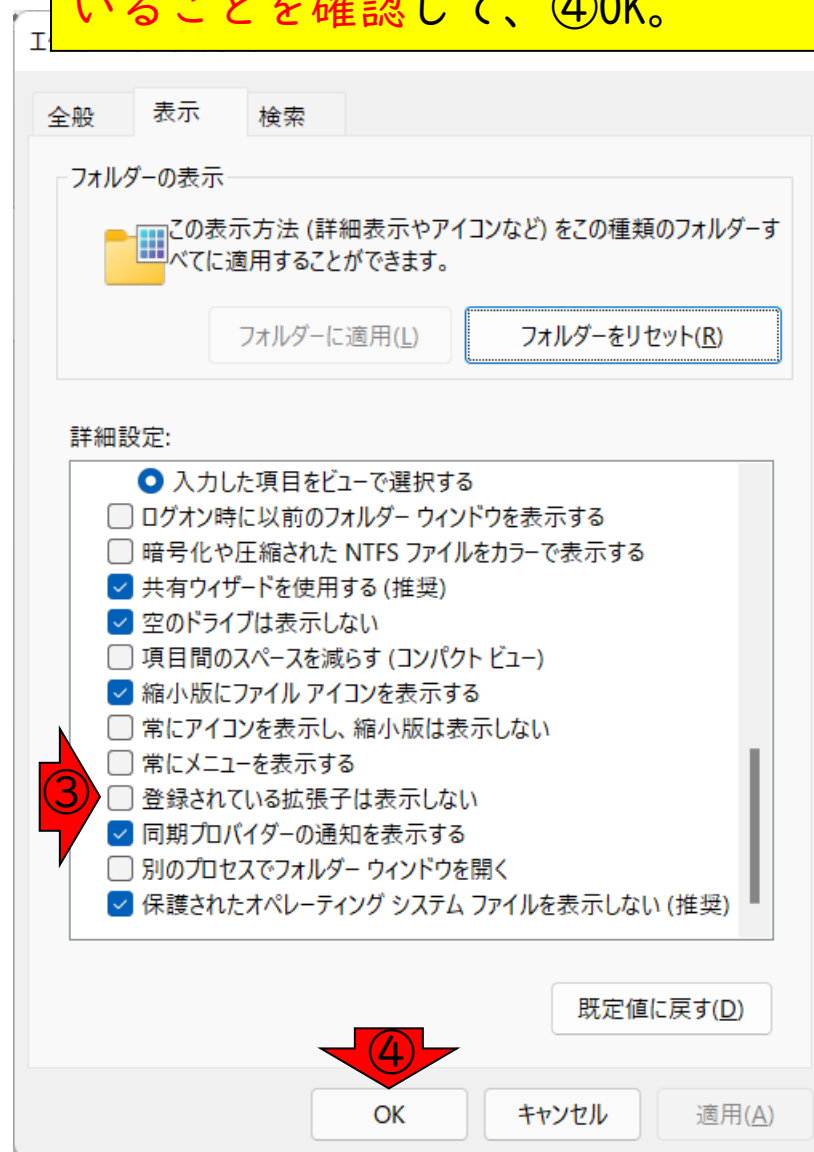
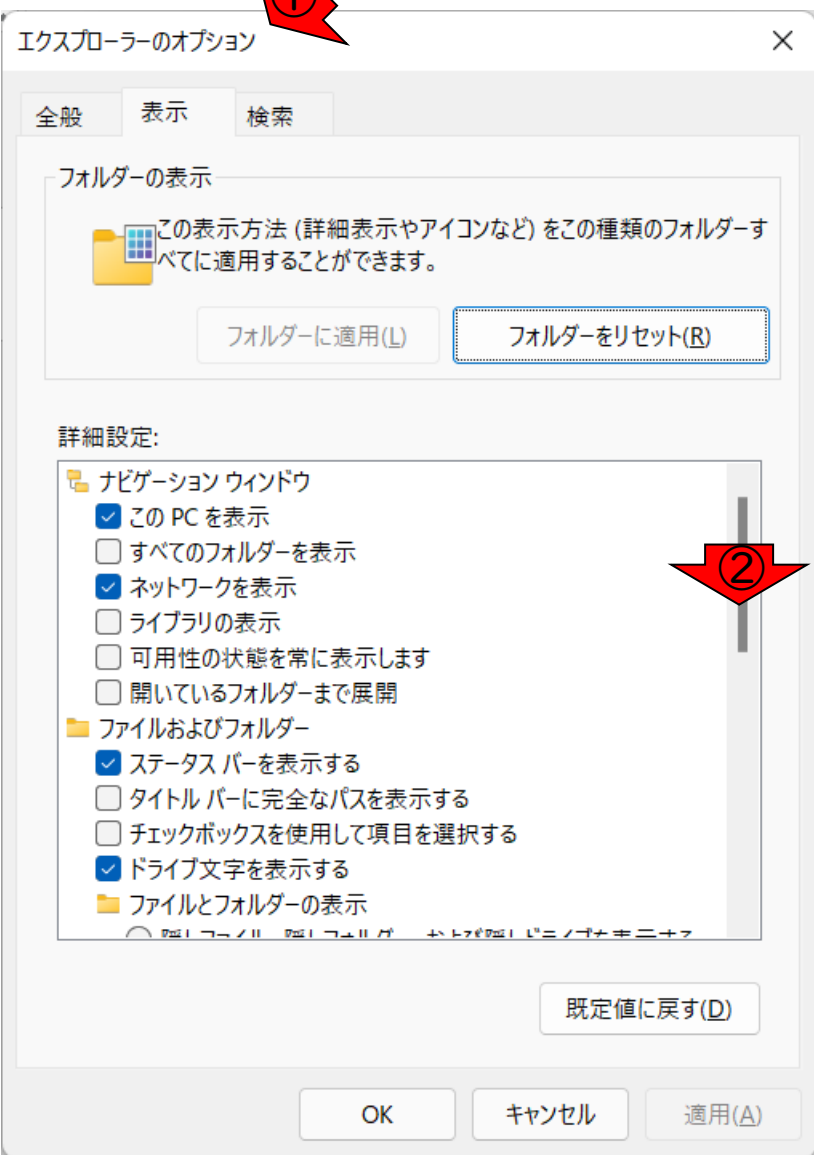
PC環境設定4

まだ拡張子が表示されない場合は、
適当なフォルダまたはエクスプロー
ラーを開き、①メニューをクリック
し、プルダウンメニューの②オプ
ションをクリック。



PC環境設定5

①エクスプローラーのオプションの表示タブを開きます。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。

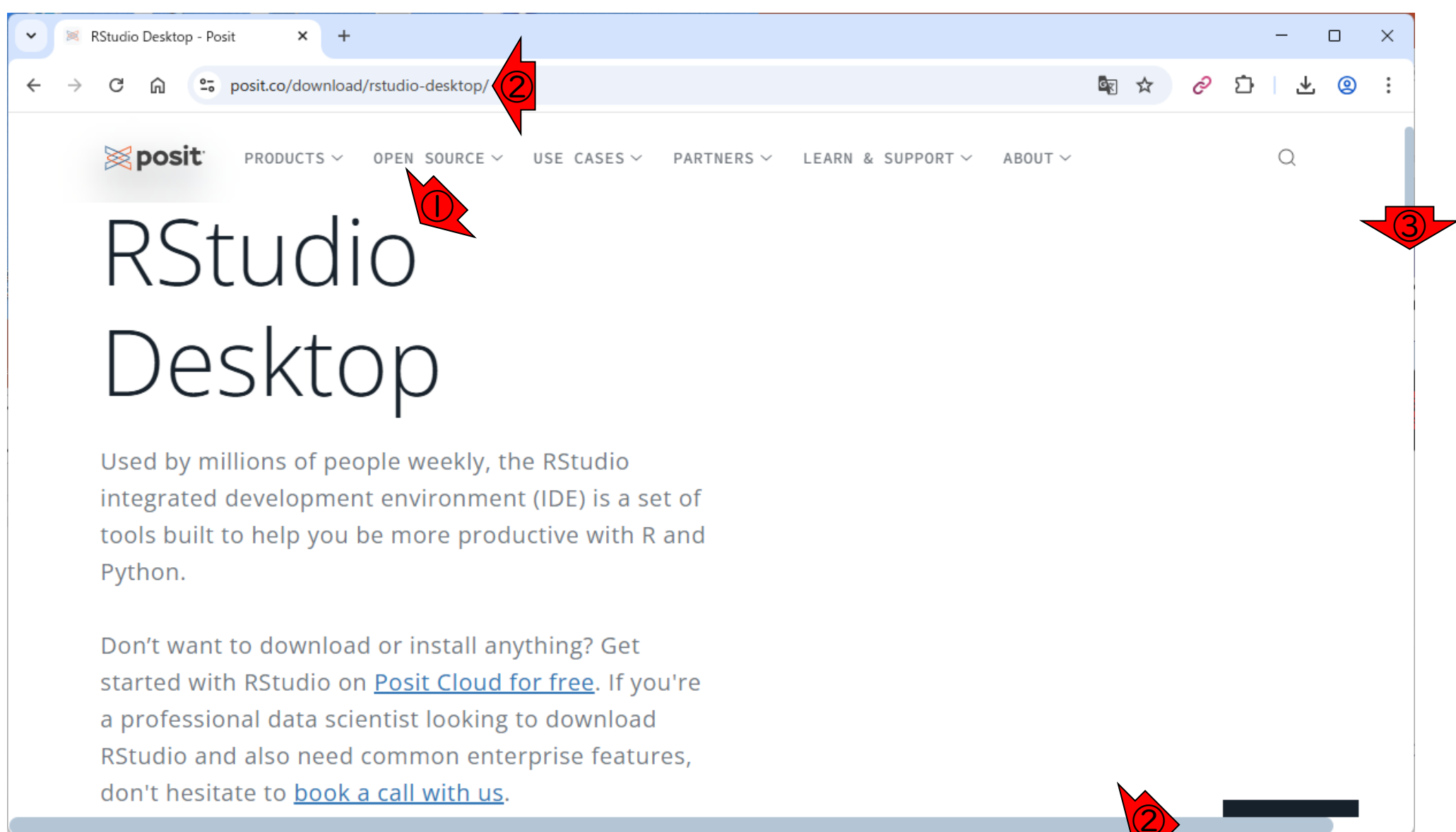


Contents

- 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

①RStudioの、②ダウンロードサイト。
③少しページ下部に移動。



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

RStudioのインストール

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 4.4.3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。



1: Install R

RStudio requires R 3.6.0+. Choose a version of R that matches your computer's operating system.

R is not a Posit product. By clicking on the link below to download and install R, you are leaving the Posit website. Posit disclaims any obligations and all liability with respect to R and the R website.

DOWNLOAD AND INSTALL R

2: Install RStudio

DOWNLOAD RSTUDIO DESKTOP FOR WINDOWS

Size: 265.28 MB | [SHA-256: BB369743](#) | Version: 2024.12.1+563 | Released: 2025-02-13



RStudioのインストール

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-2024.12.1-563.EXE ⑦	265.28 MB	BB369743
macOS 13+	RSTUDIO-2024.12.1-563.DMG ⑧	557.15 MB	BE73D3A9
Ubuntu 20/Debian 11	RSTUDIO-2024.12.1-563-AMD64.DEB	203.14 MB	EE259A88
Ubuntu 22/Debian 12	RSTUDIO-2024.12.1-563-AMD64.DEB	203.17 MB	710931EC
Ubuntu 24	RSTUDIO-2024.12.1-563-AMD64.DEB	203.17 MB	710931EC

RStudioのインストール

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。

posit

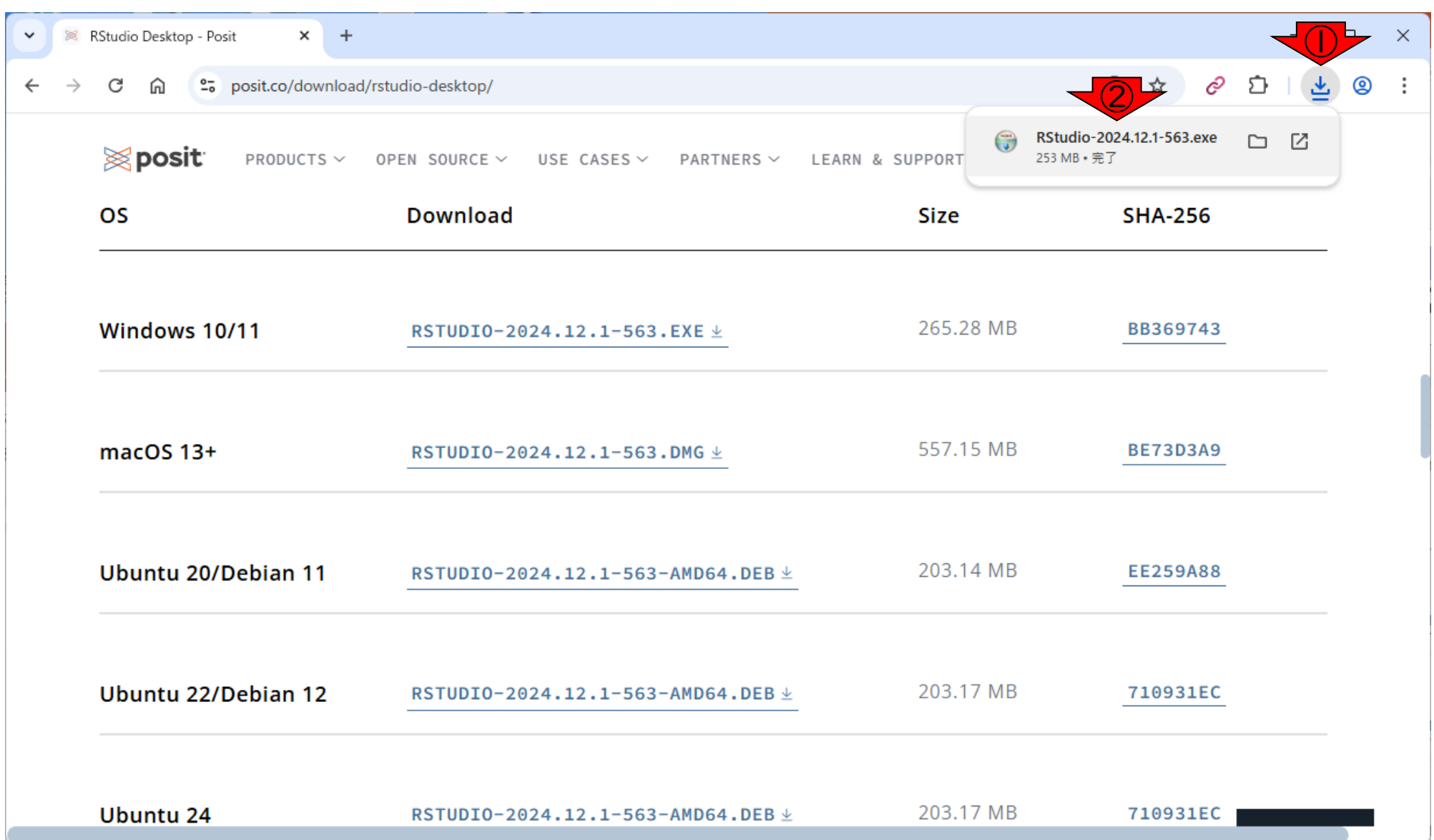
PRODUCTS ▾ OPEN SOURCE ▾ USE CASES ▾ PARTNERS ▾ LEARN & SUPPORT ▾ ABOUT ▾

OS	Download	Size	SHA-256
Windows 10/11	RSTUDIO-2024.12.1-563.EXE ⬇️ ⑦	265.28 MB	BB369743
macOS 13+	RSTUDIO-2024.12.1-563.DMG ⬇️	557.15 MB	BE73D3A9
Ubuntu 20/Debian 11	RSTUDIO-2024.12.1-563-AMD64.DEB ⬇️	203.14 MB	EE259A88
Ubuntu 22/Debian 12	RSTUDIO-2024.12.1-563-AMD64.DEB ⬇️	203.17 MB	710931EC
Ubuntu 24	RSTUDIO-2024.12.1-563-AMD64.DEB ⬇️	203.17 MB	710931EC

<https://download1.rstudio.org/electron/windows/RStudio-2024.12.1-563...>

RStudioのインストール

ダウンロードが完了したので、①をクリックして②インストーラを実行。

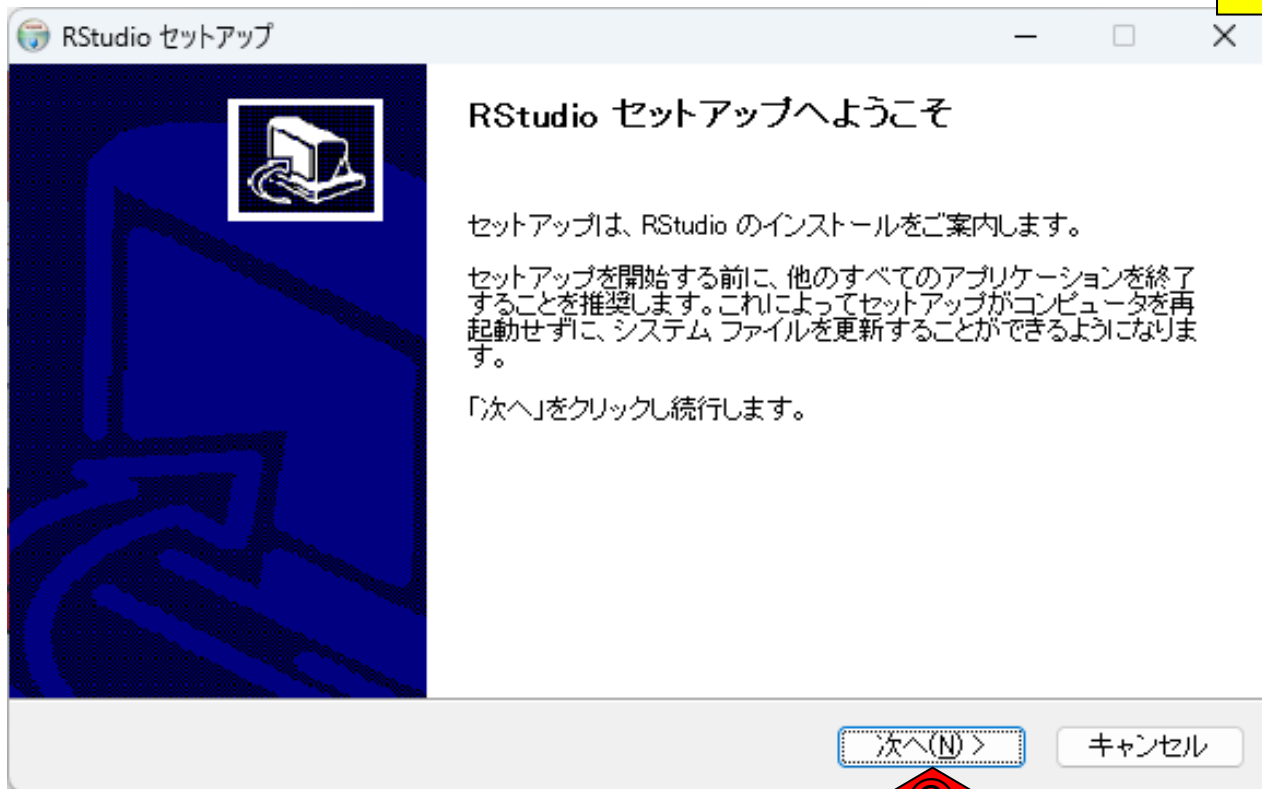


posit PRODUCTS OPEN SOURCE USE CASES PARTNERS LEARN & SUPPORT

OS	Download	Size	SHA-256
Windows 10/11	RSTUDIO-2024.12.1-563.EXE ↓	265.28 MB	BB369743
macOS 13+	RSTUDIO-2024.12.1-563.DMG ↓	557.15 MB	BE73D3A9
Ubuntu 20/Debian 11	RSTUDIO-2024.12.1-563-AMD64.DEB ↓	203.14 MB	EE259A88
Ubuntu 22/Debian 12	RSTUDIO-2024.12.1-563-AMD64.DEB ↓	203.17 MB	710931EC
Ubuntu 24	RSTUDIO-2024.12.1-563-AMD64.DEB ↓	203.17 MB	710931EC

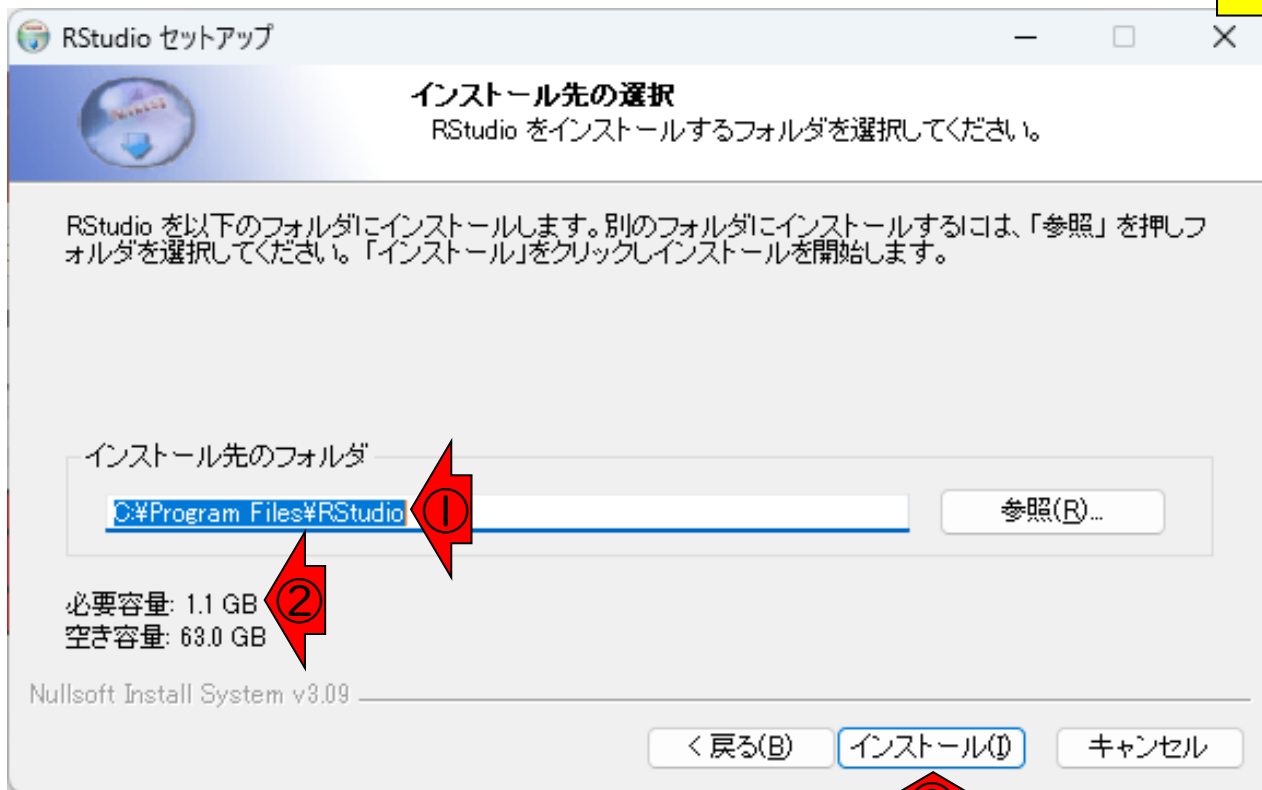
RStudioのインストール

ダウンロードが完了したので、①クリックして②インストーラを実行。③次へ。



RStudioのインストール

①ここにインストールされます。②RStudioのみで1.1 GBのディスク空き容量が必要です。③インストール。



RStudioのインストール

①ここにインストールされます。②RStudioのみで1.1 GBのディスク空き容量が必要です。③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

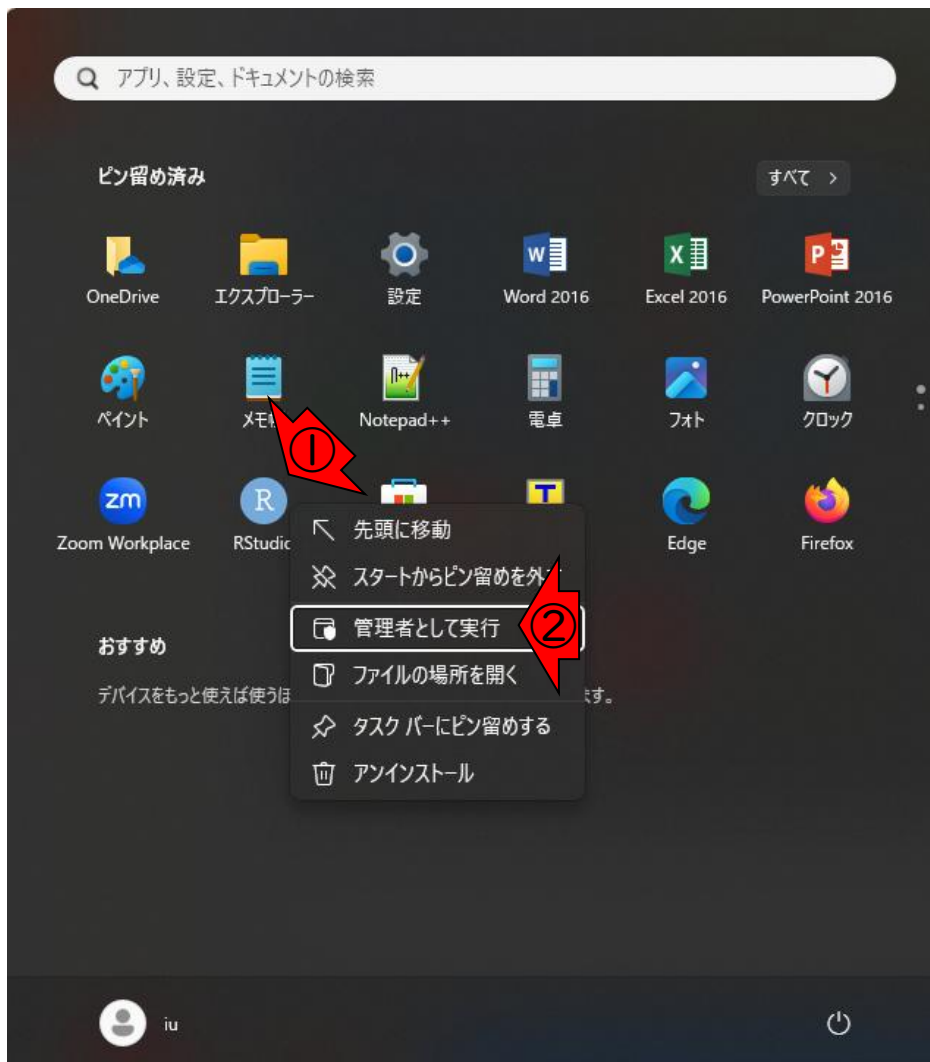
①ここにインストールされます。②RStudioのみで1.1 GBのディスク空き容量が必要です。③インストール。インストールスタート。約1分。④完了。



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I



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「**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。（「この不明な発行元からのアプリがデバイスに変更を加えることを許可しますか？」というメッセージが表示されたら「はい」を選択。）

RStudioの起動2

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Project: (None)

Environment History Connections Tutorial

Import Dataset 69 MiB List

R Global Environment

Environment is empty

Files Plots Packages Help Viewer Presentation

Home

	Name	Size	Modified
☐	.Rhistory	11.2 KB	Apr 2, 2025
☐	desktop.ini	402 B	Oct 7, 2024
☐	MEGA X		
☐	My Data Sources		
☐	My Music		
☐	My Pictures		
☐	My Videos		
☐	Officeのカスタム テンプレート		

R version 4.4.3 (2025-02-28 ucrt) -- "Trophy Case"
Copyright (C) 2025 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64

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

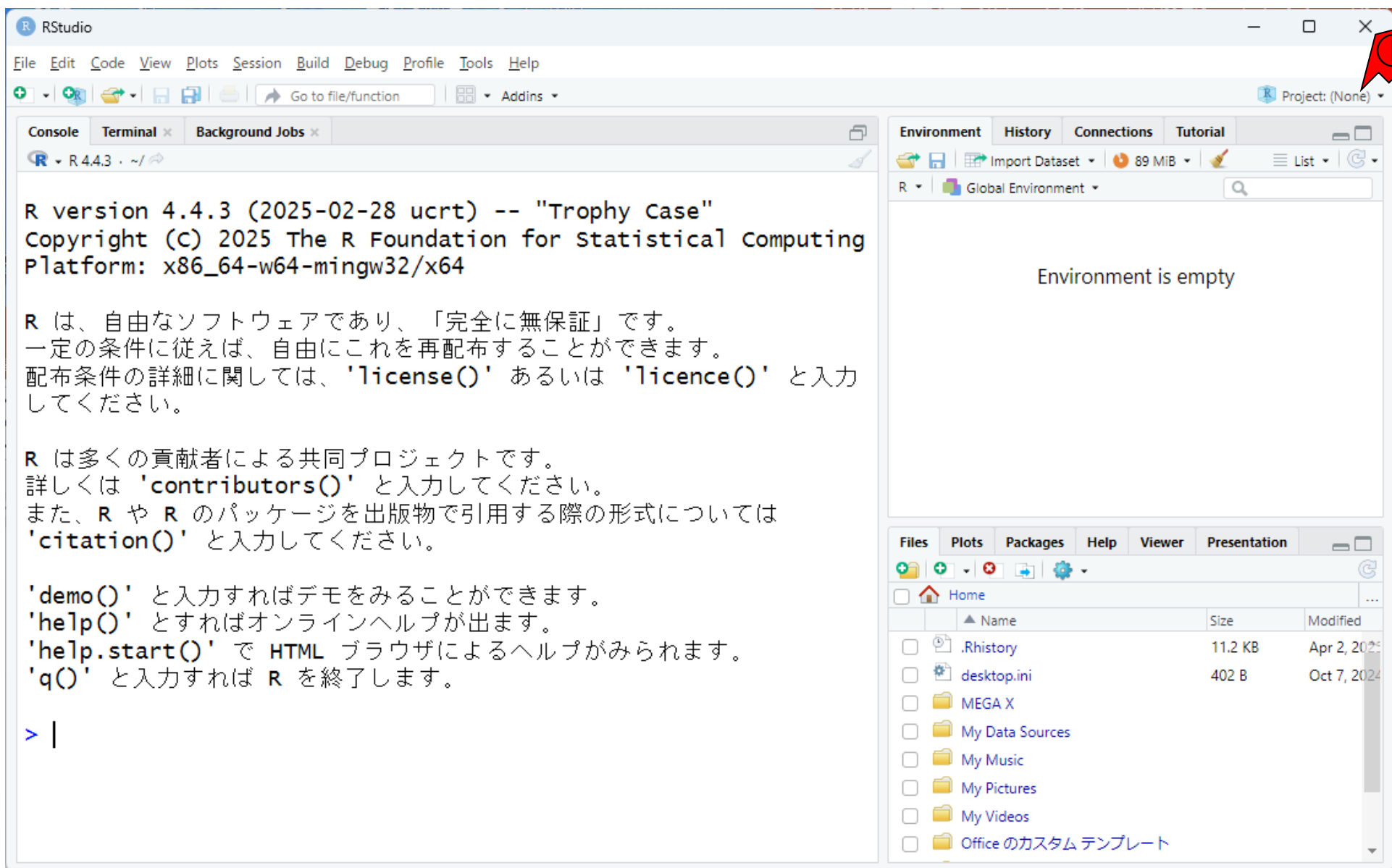
R は多くの貢献者による共同プロジェクトです。
詳しくは `'contributors()'` と入力してください。
また、R や R のパッケージを出版物で引用する際の形式については
`'citation()'` と入力してください。

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

> |

RStudioの終了!

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 top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. Below the menu bar is a toolbar with various icons. The main window is divided into four panes: Console, Environment, History, and Connections. The Console pane on the left shows the R version 4.4.3 (2025-02-28 ucrt) -- "Trophy Case" and copyright information. The Environment pane on the right shows "Environment is empty". The Files pane at the bottom shows a list of files and folders in the Home directory, including .Rhistory, desktop.ini, MEGA X, My Data Sources, My Music, My Pictures, My Videos, and Office のカスタム テンプレート. A red arrow points to the close button (X) in the top right corner of the window.

R version 4.4.3 (2025-02-28 ucrt) -- "Trophy Case"
Copyright (C) 2025 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64

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

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

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

> |

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③Don't + Saveで構いません。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal Background Jobs

R 4.4.3 ~

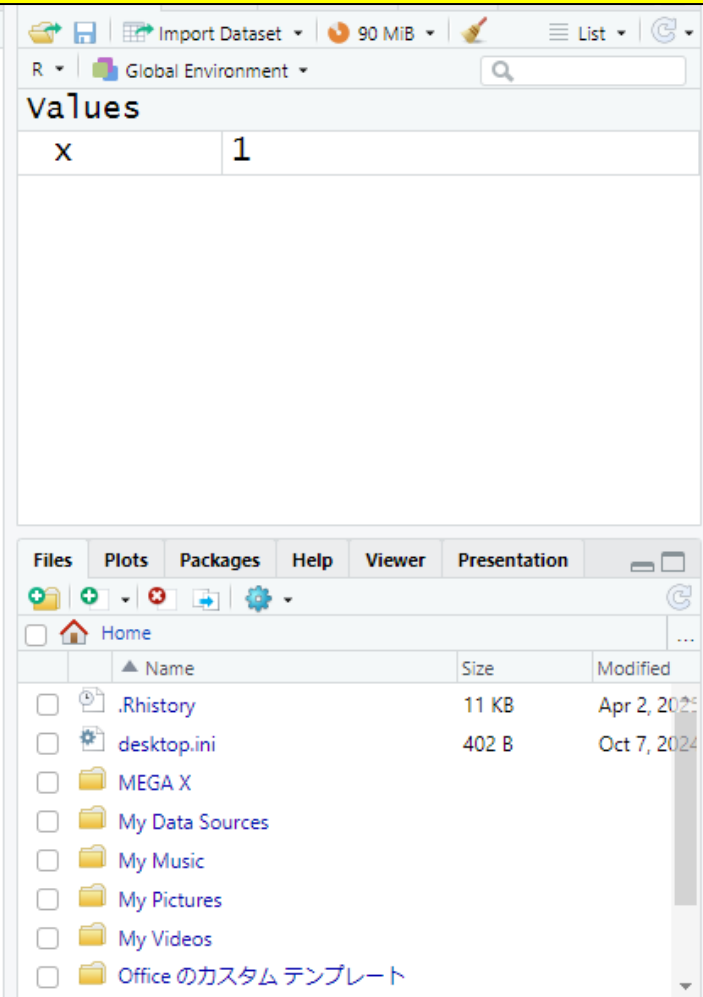
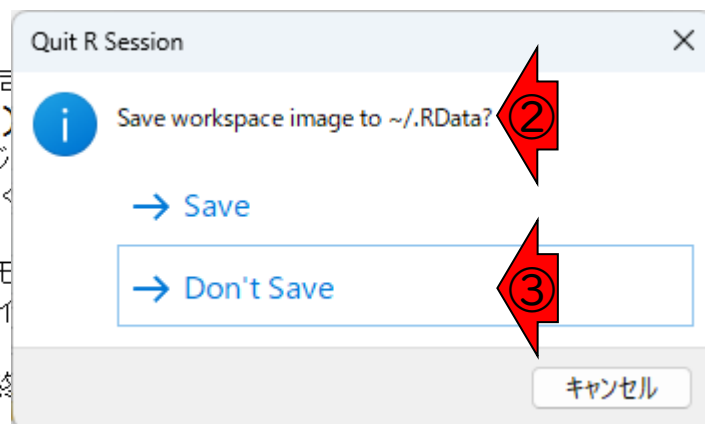
```
R version 4.4.3 (2025-02-28 ucrt) -- "Trophy Case"
Copyright (C) 2025 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64
```

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

R は多くの貢献者による共同
詳しくは `'contributors()'`
また、R や R のパッケージ
`'citation()'` と入力して

`'demo()'` と入力すればデモ
`'help()'` とすればオンライン
`'help.start()'` で HTML
`'q()'` と入力すれば R を終

```
> x<-1
>
```



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 |

- 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 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 4.4.3 startup message and Japanese instructions for using R. The right pane shows the 'Environment' tab with an empty environment. Below it, the 'Packages' tab is active and highlighted with a red box and a red arrow pointing to it from the text above. The 'Packages' pane shows a list of installed and available packages in the 'System Library'.

R version 4.4.3 (2025-02-28 ucrt) -- "Trophy Case"
Copyright (C) 2025 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64

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

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

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

>

Environment is empty

①

Name	Description	Versi...
System Library		
☒ base	The R Base Package	4.4.3
☐ boot	Bootstrap Functions (Originally by Angelo Canty for S)	1.3-31
☐ class	Functions for Classification	7.3-23
☐ cluster	"Finding Groups in Data": Cluster Analysis Extended Rousseeuw et al.	2.1.8
☐ codetools	Code Analysis Tools for R	0.2-20
☐ compiler	The R Compiler Package	4.4.3
☒ datacube	The R Datacube Package	1.1.2

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 **el071**
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 **el071** 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。③
Install。



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

Console Terminal Background Jobs

R 4.4.3 ~

```
R version 4.4.3 (2025-02-28 ucrt) -- "Trophy Case"
Copyright (C) 2025 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64
```

R は、自由なソフトウェアであり、「完
一定の条件に従えば、自由にこれを再配
配布条件の詳細に関しては、`'license()'`
してください。

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

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

> |

Install Packages

Install from:

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

Package archive:

Browse...

Install to Library:

C:/Program Files/R/R-4.4.3/library [Default]

Install

Cancel

Environment History Connections Tutorial

Import Dataset 151 MiB

R Global Environment

Environment is empty

Plots Packages Help Viewer Presentation

Update e1071

Name Description Versi...

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 4.4.3

```
R version 4.4.3 (2025-02-28 ucrt) -- "Trophy Case"
Copyright (c) 2025 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64
```

R は、自由なソフトウェアであり、「完
一定の条件に従えば、自由にこれを再配
配布条件の詳細に関しては、`'license()'`
してください。

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

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

> |

Install Packages

Install from:

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



Browse...

Install to Library:

C:/Program Files/R/R-4.4.3/library [Default]

Install

Cancel

Environment is empty

Plots Packages Help Viewer Presentation

Install Update e1071

Name Description Versi...

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。

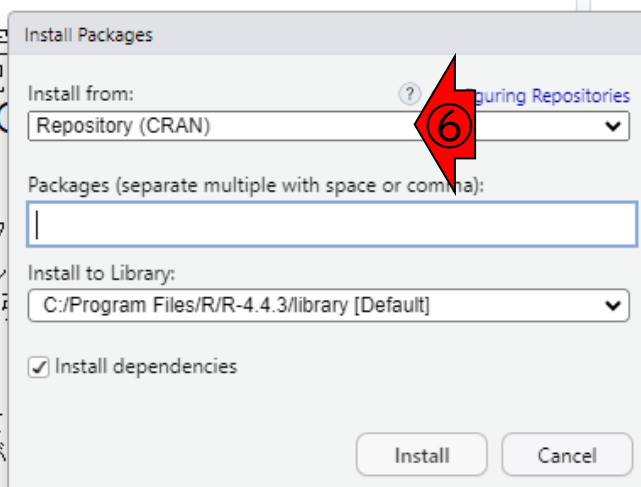
```
R version 4.4.3 (2025-02-28 ucrt) -- "Trophy Case"
Copyright (C) 2025 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64
```

R は、自由なソフトウェアであり、「完
一定の条件に従えば、自由にこれを再配
配布条件の詳細に関しては、`'license()'`
してください。

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

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

```
> |
```



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⑧e1071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 4.4.3 ~

```
R version 4.4.3 (2025-02-28 ucrt) -- "Trophy Case"
Copyright (C) 2025 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64
```

R は、自由なソフトウェアであり、「完
一定の条件に従えば、自由にこれを再配
配布条件の詳細に関しては、`'license()'`
してください。

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

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

> |

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

earthdatalogin

earthtide

earthtones

Ease

easy.glmnet

Install

Cancel

Environment History Connections Tutorial

Import Dataset 151 MiB

R Global Environment

Environment is empty

Plots Packages Help Viewer Presentation

Install Update

Name Description Versi...

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⑧e1071を選択して、⑨Install。

```
R version 4.4.3 (2025-02-28 ucrt) -- "Trophy Case"
Copyright (C) 2025 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64
```

R は、自由なソフトウェアであり、「完
一定の条件に従えば、自由にこれを再配
配布条件の詳細に関しては、`'license()'`
してください。

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

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

```
> |
```

Install Packages

Install from: [? Configuring Repositories](#)
Repository (CRAN) ▼

Packages (separate multiple with space or comma):
e1071

Install to Library:
C:/Program Files/R/R-4.4.3/library [Default] ▼

☒ Install dependencies

Install Cancel



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⑧e1071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 4.4.3

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

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

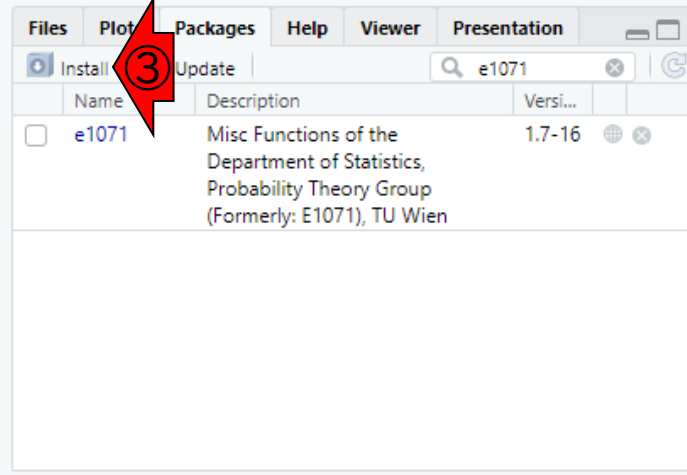
> `install.packages("e1071")`

WARNING: Rtools is required to build R packages but no version of Rtools compatible with the currently running version of R was found. Note that the following incompatible version(s) of Rtools were found:

- Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0)

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

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Console:** Displays the installation of Rtools 4.0 and the e1071 package. It shows the download of Rtools 4.0 and the e1071 package, including the URL, content type, and size.
- Environment:** Shows the Global Environment, which is currently empty.
- Packages:** Shows the list of installed packages, including e1071.

Console Output:

```
R 4.4.3 ~/  
- Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0)  
  
Please download and install the appropriate version of Rtools  
s 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  
  
URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.4/proxy_  
0.4-27.zip' を試しています  
Content type 'application/zip' length 181338 bytes (177 KB)  
downloaded 177 KB  
  
URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.4/e1071_  
1.7-16.zip' を試しています  
Content type 'application/zip' length 674211 bytes (658 KB)  
downloaded 658 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\iu\AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloaded  
_packages  
> |
```

Environment: Environment is empty

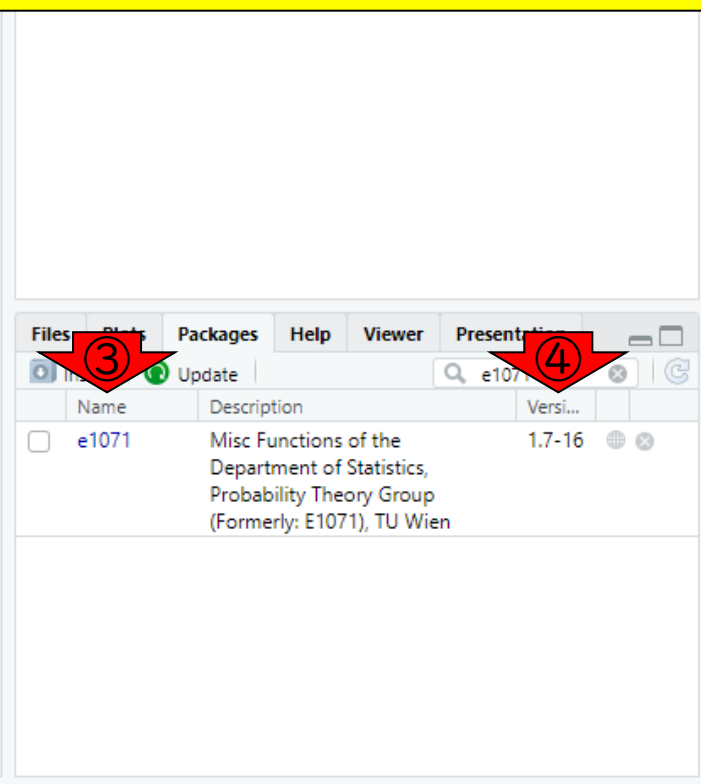
Packages:

Name	Description	Versi...
☐ e1071	Misc Functions of the Department of Statistics, Probability Theory Group (Formerly: E1071), TU Wien	1.7-16

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1.7-16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 4.4.3 ~
- Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0)
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
URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.4/proxy_0.4-27.zip' を試しています
Content type 'application/zip' length 181338 bytes (177 KB)
downloaded 177 KB
URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.4/e1071_1.7-16.zip' を試しています
Content type 'application/zip' length 674211 bytes (658 KB)
downloaded 658 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\iu\AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloaded_packages
> |
```



Packages			
Name	Description	Versi...	
☐ e1071	Misc Functions of the Department of Statistics, Probability Theory Group (Formerly: E1071), TU Wien	1.7-16	

CRANのパッケージ II

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1.7-16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1.7-16であることが分かります。

CRAN: Package e1071

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

e1071: Misc Functions of the Department of Statistics, Probability Theory Group (Formerly in Economics and Statistics)

Functions for latent class analysis, short time Fourier transform, fuzzy clustering, support vector machines, naive Bayes classifier, generalized k-nearest neighbour ...

Version: 1.7-16

Imports: graphics, RDevices, class, stats, methods, utils, proxy

Suggests: cluster, mlbench, nnet, randomForest, rpart, SparseM, xtable, Matrix

Published: 2024-09-16

DOI: 10.32614/CRAN.package.e1071

Author: David Meyer [aut, cre], Evgenia Dimitriadou [aut, cph], Kurt Hornik [aut, cph], 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 (source, R code)
svm() internals (source)

Downloads:

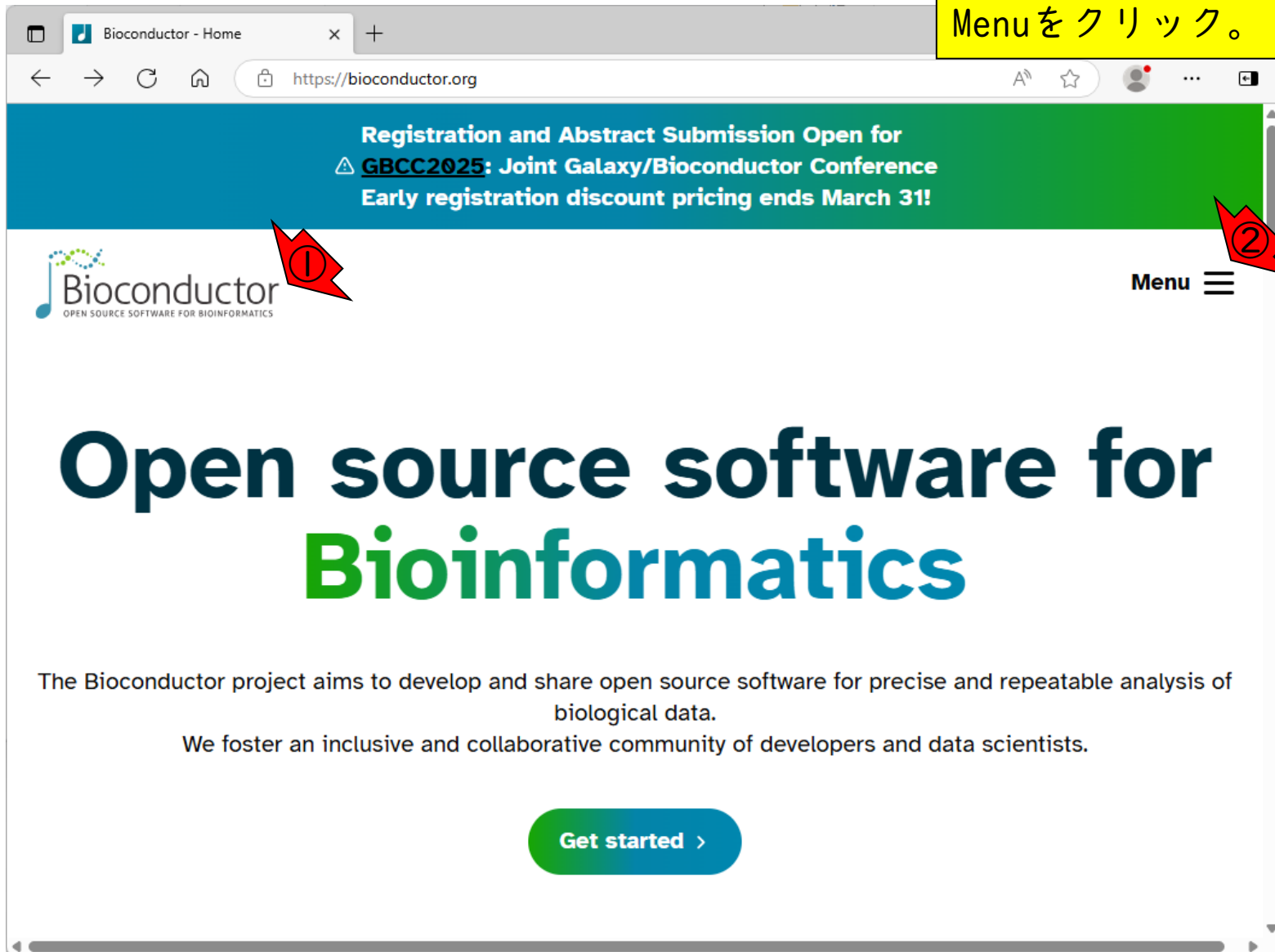
<https://cran.r-project.org/web/packages/e1071/index.html>

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… |

次に、①Bioconductorで提供されているパッケージの（ここではBiostringsを例に）インストール手順を説明します。②Menuをクリック。



<https://bioconductor.org/>

Bioconductorの… 2

次に、①Bioconductorで提供されているパッケージの（ここではBiostringsを例に）インストール手順を説明します。②Menuをクリック。プルダウンメニューから③Packagesをクリック。

Bioconductor - Home

https://bioconductor.org

Registration and Abstract Submission Open for
△ **GBCC2025: Joint Galaxy/Bioconductor Conference**
Early registration discount pricing ends March 31!

Bioconductor
OPEN SOURCE SOFTWARE FOR BIOINFORMATICS

Menu X

About

Learn

Packages

Developers

Search

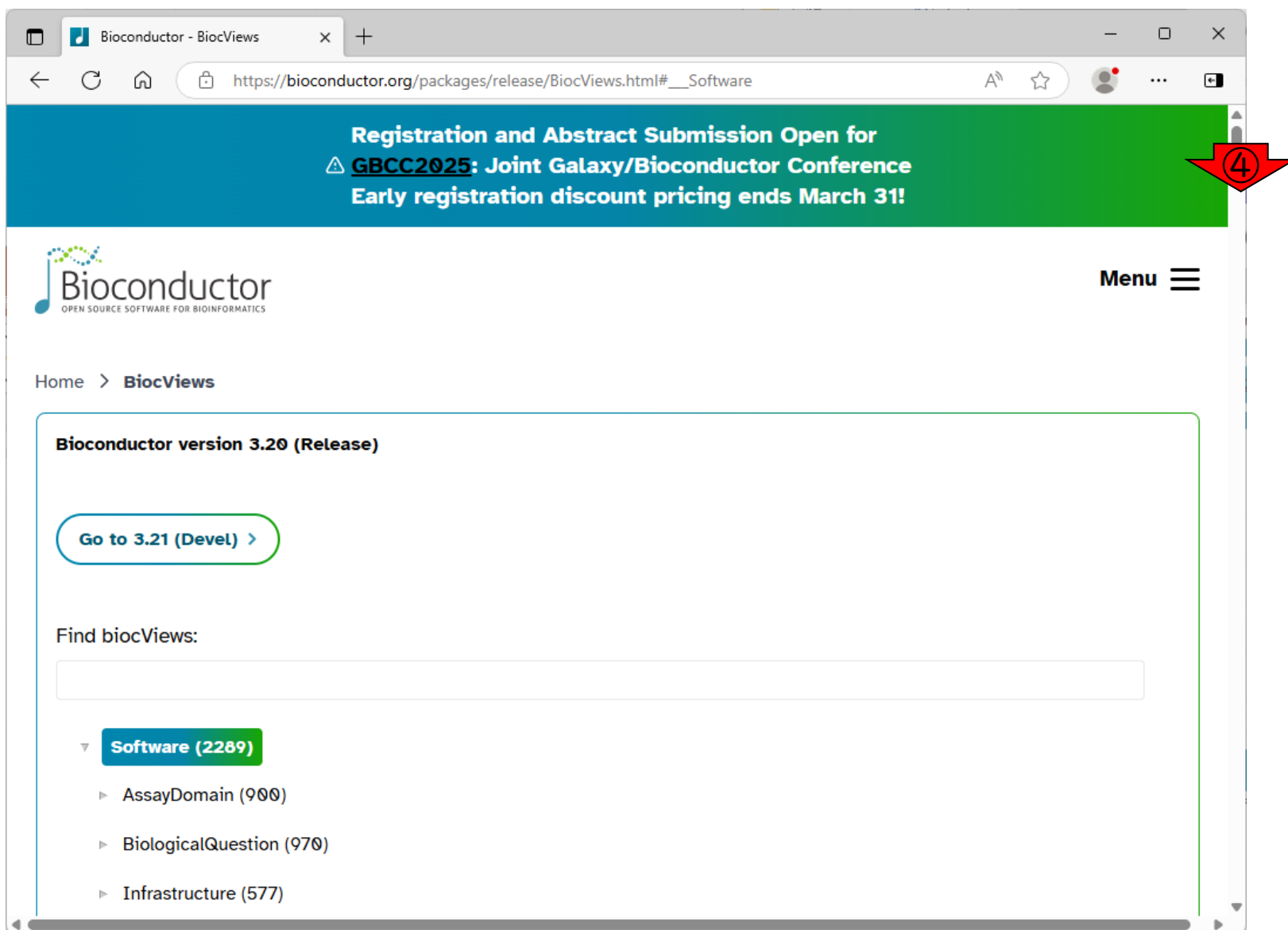
Get Started

we foster an inclusive and collaborative community of developers and data scientists.

Get started >

④下にスクロールすると、

Bioconductorの… 3



The screenshot shows the Bioconductor website in a web browser. The address bar displays the URL: https://bioconductor.org/packages/release/BiocViews.html#___Software. A green banner at the top contains the text: "Registration and Abstract Submission Open for **GBCC2025: Joint Galaxy/Bioconductor Conference** Early registration discount pricing ends March 31!". The Bioconductor logo is on the left, and a "Menu" button is on the right. The breadcrumb trail shows "Home > BiocViews". The main content area is titled "Bioconductor version 3.20 (Release)" and includes a button "Go to 3.21 (Devel) >". Below this is a search bar labeled "Find biocViews:". A list of categories is shown, with "Software (2289)" highlighted in green. Other categories include "AssayDomain (900)", "BiologicalQuestion (970)", and "Infrastructure (577)". A red arrow with the number 4 points to the bottom of the page, indicating where to scroll.

Bioconductor - BiocViews

Registration and Abstract Submission Open for
GBCC2025: Joint Galaxy/Bioconductor Conference
Early registration discount pricing ends March 31!

Bioconductor
OPEN SOURCE SOFTWARE FOR BIOINFORMATICS

Menu

Home > BiocViews

Bioconductor version 3.20 (Release)

Go to 3.21 (Devel) >

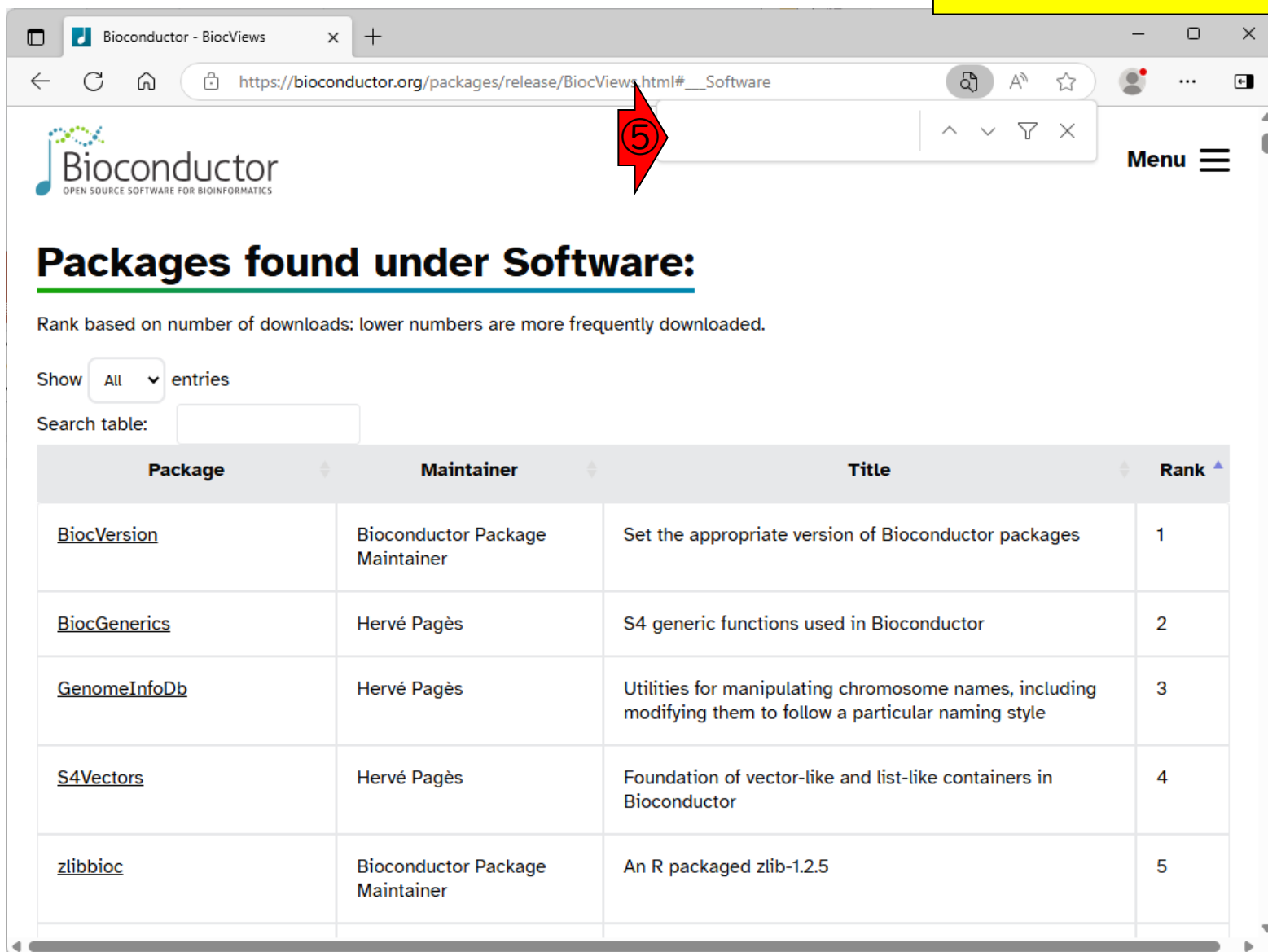
Find biocViews:

Software (2289)

- AssayDomain (900)
- BiologicalQuestion (970)
- Infrastructure (577)

Bioconductorの... 4

④下にスクロールすると、パッケージリストがあります。⑤WEBブラウザの検索機能 (Ctrl+F) を表示して、

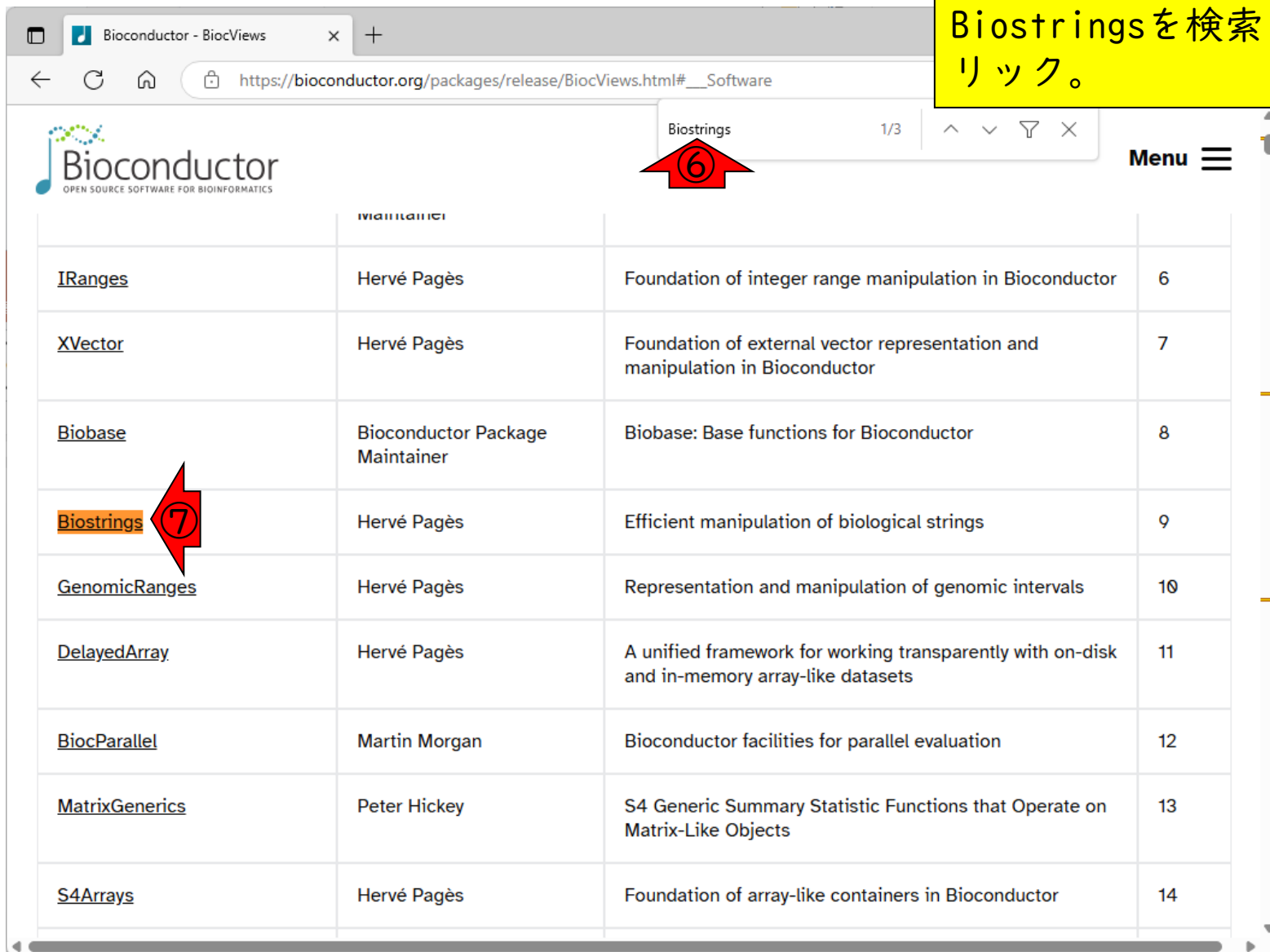


The screenshot shows the Bioconductor website in a web browser. The address bar shows the URL https://bioconductor.org/packages/release/BiocViews.html#___Software. A red arrow labeled ⑤ points to the search bar in the browser's address bar. The page title is "Bioconductor OPEN SOURCE SOFTWARE FOR BIOINFORMATICS". The main heading is "Packages found under Software:". Below the heading, it says "Rank based on number of downloads: lower numbers are more frequently downloaded." There is a "Show All entries" button and a "Search table:" input field. A table lists the packages found under Software.

Package	Maintainer	Title	Rank
BiocVersion	Bioconductor Package Maintainer	Set the appropriate version of Bioconductor packages	1
BiocGenerics	Hervé Pagès	S4 generic functions used in Bioconductor	2
GenomeInfoDb	Hervé Pagès	Utilities for manipulating chromosome names, including modifying them to follow a particular naming style	3
S4Vectors	Hervé Pagès	Foundation of vector-like and list-like containers in Bioconductor	4
zlibbioc	Bioconductor Package Maintainer	An R packaged zlib-1.2.5	5

Bioconductorの… 5

④下にスクロールすると、パッケージリストがあります。⑤WEBブラウザの検索機能 (Ctrl+F) を表示して、⑥ Biostringsを検索し、見つけたら⑦クリック。



The screenshot shows the Bioconductor website with a list of packages. The 'Biostrings' package is highlighted with a red arrow and a circled 7. A red arrow with a circled 6 points to the search bar at the top.

Package Name	Maintainer	Description	Version
IRanges	Hervé Pagès	Foundation of integer range manipulation in Bioconductor	6
XVector	Hervé Pagès	Foundation of external vector representation and manipulation in Bioconductor	7
Biobase	Bioconductor Package Maintainer	Biobase: Base functions for Bioconductor	8
Biostrings	Hervé Pagès	Efficient manipulation of biological strings	9
GenomicRanges	Hervé Pagès	Representation and manipulation of genomic intervals	10
DelayedArray	Hervé Pagès	A unified framework for working transparently with on-disk and in-memory array-like datasets	11
BiocParallel	Martin Morgan	Bioconductor facilities for parallel evaluation	12
MatrixGenerics	Peter Hickey	S4 Generic Summary Statistic Functions that Operate on Matrix-Like Objects	13
S4Arrays	Hervé Pagès	Foundation of array-like containers in Bioconductor	14

Bioconductorの… 6

①Bioconductorバージョン3.20に含まれる②Biostrings。

Bioconductor - Biostrings

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

Registration and Abstract Submission Open for
△ **GBCC2025: Joint Galaxy/Bioconductor Conference**
Early registration discount pricing ends March 31!

Bioconductor
OPEN SOURCE SOFTWARE FOR BIOINFORMATICS

Menu

Home > Bioconductor 3.20 > Software Packages > **Biostrings**

Biostrings

This is the **released** version of Biostrings; for the devel version, see [Biostrings](#).

Efficient manipulation of biological strings

platforms all rank 9 / 2289 support 5 / 5 in Bioc > 20 years build warnings updated since release dependencies 24

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

Bioconductor version: Release (3.20)

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], Wolfgang Huber [ctb] ('matchprobes' vignette), Beryl Kanali [ctb] (Converted 'MultipleAlignments' vignette from Sweave)

Bioconductorの… 7

①Bioconductorバージョン3.20に含まれる②Biostrings。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 4.4.3 ~
- Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0)

Please download and install the appropriate version of Rtools
before proceeding:

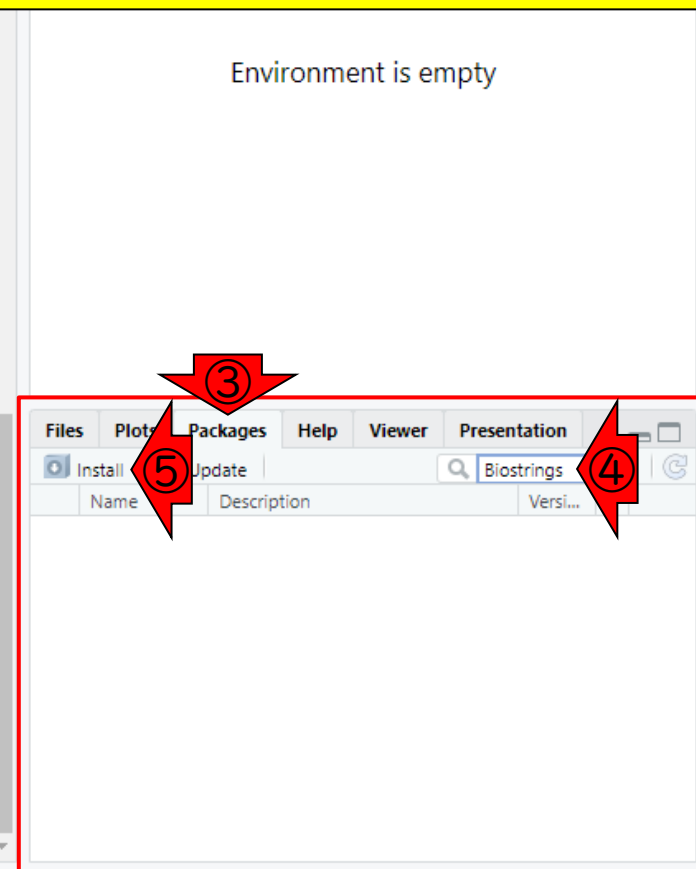
https://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/
依存対象 (dependency) 'proxy' もインストールします

URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.4/proxy_
0.4-27.zip' を試しています
Content type 'application/zip' length 181338 bytes (177 KB)
downloaded 177 KB

URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.4/e1071_
1.7-16.zip' を試しています
Content type 'application/zip' length 674211 bytes (658 KB)
downloaded 658 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\iu\AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloaded
_packages
> |
```



Bioconductorの... 8

①デフォルトのCRANのままで、②Biost
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...

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal Background Jobs

R 4.4.3 ~\

- Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0)

Please download and install the appropriate version of Rtools before proceeding:

<https://cran.rstudio.com/bin/win...>
依存対象 (dependency) 'proxy' もインストールする必要があります

URL '<https://cran.rstudio.com/bin/win...>
0.4-27.zip' を試しています
Content type 'application/zip' 177 KB downloaded 177 KB

URL '<https://cran.rstudio.com/bin/win...>
1.7-16.zip' を試しています
Content type 'application/zip' 658 KB downloaded 658 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\iu\AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloaded_packages

> |

Environment History Connections Tutorial

Import Dataset 18 MiB

R Global Environment

Environment is empty

Plots Packages Help Viewer Presentation

install Update Biostrings

Name	Description	Version
------	-------------	---------

Bioconductorの... 9

①デフォルトのCRANのままで、②Biost
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、③
Biostringsまで打ち込んだ状態で、④
Install。

RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.4.3 ~/
- Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0)

Please download and install the appropriate version of Rtools before proceeding:

<https://cran.rstudio.com/bin/win32/packages/contrib/revstat.html>
依存対象 (dependency) 'proxy' もインストールされています

URL 'https://cran.rstudio.com/bin/win32/packages/contrib/revstat.html' を試しています
Content type 'application/zip' 177 KB
downloaded 177 KB

URL 'https://cran.rstudio.com/bin/win32/packages/contrib/revstat.html' を試しています
Content type 'application/zip' 177 KB
downloaded 658 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\iu\AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloaded_packages
> |

Install Packages

Install from: [? Configuring Repositories](#)
Repository (CRAN)

Packages (separate multiple with space or comma):
Biostrings

Install to Library:
C:/Program Files/R/R-4.4.3/library [Default]

☒ Install dependencies

Install Cancel

Environment is empty

Plots Packages Help Viewer Presentation

install Update

Name	Description	Version
Biostrings		

Bioconductorの... 10

⑤のコマンドが実行されますが、⑥でも「利用できません」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。

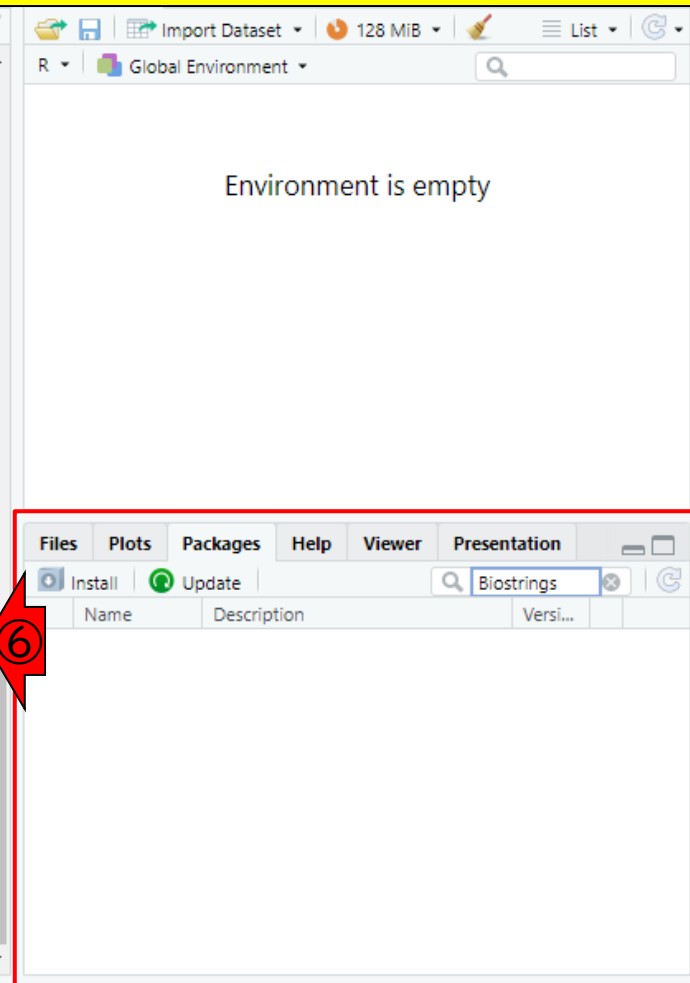
```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function
Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.4.3 ~/\
ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
C:\Users\iu\AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloaded
_packages
> install.packages("Biostrings")
WARNING: Rtools is required to build R packages but no version of Rtools compatible with the currently running version of R was found. Note that the following incompatible version(s) of Rtools were found:

- Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0)

Please download and install the appropriate version of Rtools before proceeding:

https://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/
Warning in install.packages :
  パッケージ 'Biostrings' が利用できません (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
> |
```



Bioconductorの… ||

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。

The screenshot shows the Bioconductor website for the Biostrings package. A green banner at the top contains a message about the GBCC2025 conference. The Bioconductor logo is on the left, and a 'Menu' button is on the right. The breadcrumb trail is 'Home > Bioconductor 3.20 > Software Packages > Biostrings'. The title 'Biostrings' is underlined. Below it, a note states 'This is the released version of Biostrings; for the devel version, see [Biostrings](#).' The main heading is 'Efficient manipulation of biological strings'. A filter bar shows various metrics: platforms (all), rank (9 / 2289), support (5 / 5), in Bioc (> 20 years), build (warnings), updated (since release), and dependencies (24). The DOI is 10.18129/B9.bioc.Biostrings. The Bioconductor version is Release (3.20). The description mentions 'Memory efficient string containers, string matching algorithms, and other utilities, for fast manipulation of large biological sequences or sets of sequences.' The author list includes Hervé Pagès, Patrick Aboyoun, Robert Gentleman, Saikat DebRoy, Vince Carey, Nicolas Delhomme, Felix Ernst, Wolfgang Huber, and Beryl Kanali.

Bioconductor - Biostrings

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

Registration and Abstract Submission Open for
GBCC2025: Joint Galaxy/Bioconductor Conference
Early registration discount pricing ends March 31!

Bioconductor
OPEN SOURCE SOFTWARE FOR BIOINFORMATICS

Menu

Home > Bioconductor 3.20 > Software Packages > Biostrings

Biostrings

This is the **released** version of Biostrings; for the devel version, see [Biostrings](#).

Efficient manipulation of biological strings

platforms all rank 9 / 2289 support 5 / 5 in Bioc > 20 years build warnings updated since release dependencies 24

DOI: [10.18129/B9.bioc.Biostrings](#)

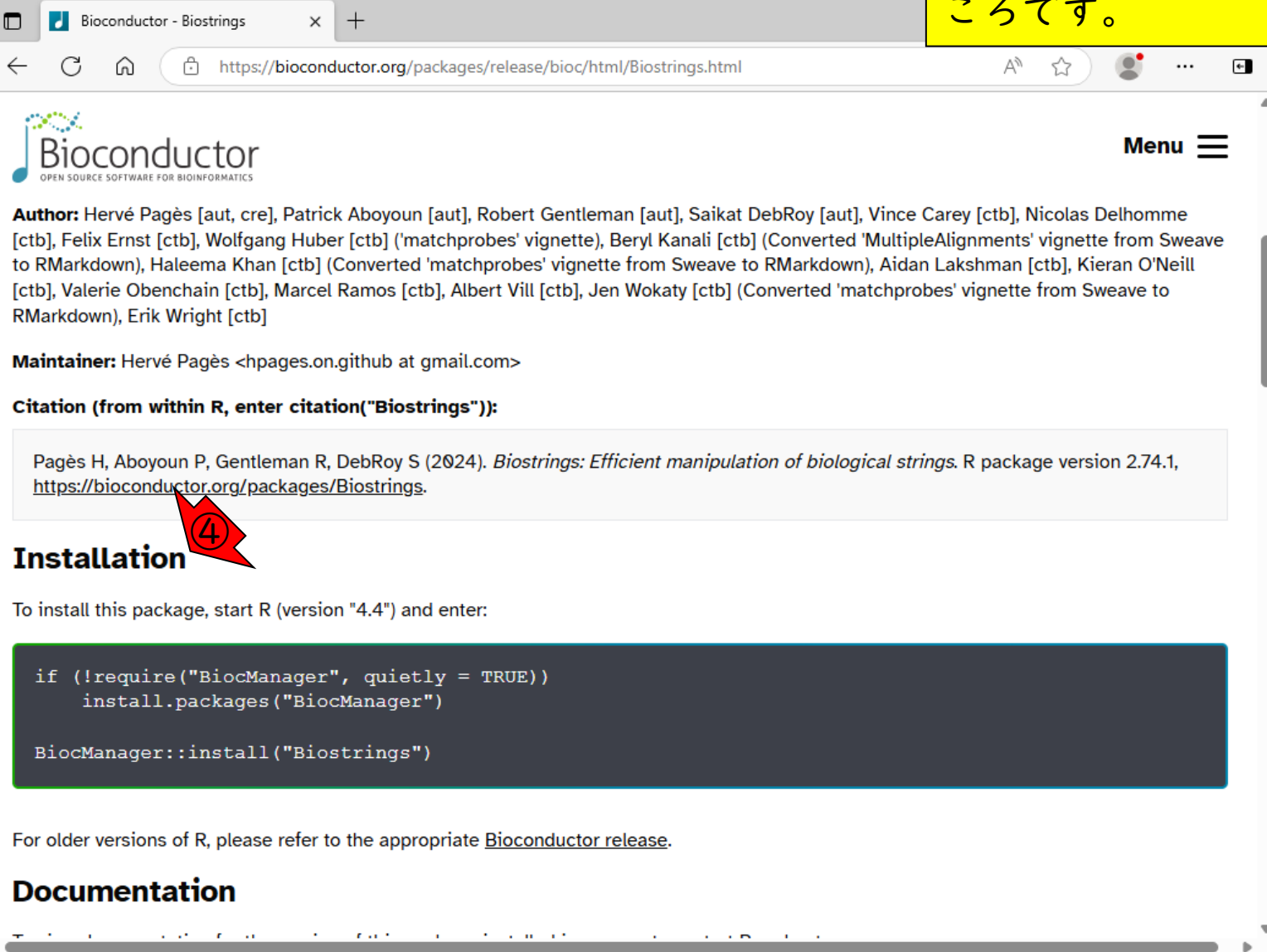
Bioconductor version: Release (3.20)

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], Wolfgang Huber [ctb] ('matchprobes' vignette), Beryl Kanali [ctb] (Converted 'MultipleAlignments' vignette from Sweave)

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のところでは。



Bioconductor
OPEN SOURCE SOFTWARE FOR BIOINFORMATICS

Menu ≡

Author: Hervé Pagès [aut, cre], Patrick Aboyoun [aut], Robert Gentleman [aut], Saikat DebRoy [aut], Vince Carey [ctb], Nicolas Delhomme [ctb], Felix Ernst [ctb], Wolfgang Huber [ctb] ('matchprobes' vignette), Beryl Kanali [ctb] (Converted 'MultipleAlignments' vignette from Sweave to RMarkdown), Haleema Khan [ctb] (Converted 'matchprobes' vignette from Sweave to RMarkdown), Aidan Lakshman [ctb], Kieran O'Neill [ctb], Valerie Obenchain [ctb], Marcel Ramos [ctb], Albert Vill [ctb], Jen Wokaty [ctb] (Converted 'matchprobes' vignette from Sweave to RMarkdown), 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 (2024). *Biostrings: Efficient manipulation of biological strings*. R package version 2.74.1, <https://bioconductor.org/packages/Biostrings>.

Installation

To install this package, start R (version "4.4") 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

Bioconductorの… 13

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、⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、R 4.4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

<https://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/Biostrings.html>



Author: Hervé Pagès [aut, cre], Patrick Aboyoun [aut], Robert Gentleman [aut], Saikat DebRoy [aut], Vince [ctb], Felix Ernst [ctb], Wolfgang Huber [ctb] ('matchprobes' vignette), Beryl Kanali [ctb] (Converted 'MultipleAlignments' vignette from Sweave to RMarkdown), Haleema Khan [ctb] (Converted 'matchprobes' vignette from Sweave to RMarkdown), Aidan Lakshman [ctb], Kieran O'Neill [ctb], Valerie Obenchain [ctb], Marcel Ramos [ctb], Albert Vill [ctb], Jen Wokaty [ctb] (Converted 'matchprobes' vignette from Sweave to RMarkdown), 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 (2024). *Biostrings: Efficient manipulation of biological strings*. R package version 2.74.1, <https://bioconductor.org/packages/Biostrings>.

Installation

To install this package, start R (version "4.4") and enter: ⑤

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

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

 ⑥

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

Documentation

Bioconductorの… 14

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、⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、R 4.4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。これ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…

Bioconductor - Biostrings x +
https://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/Biostrings.html



Author: Hervé Pagès [aut, cre], Patrick Aboyoun [aut], Robert Gentleman [aut], Saikat DebRoy [aut], Vince [ctb], Felix Ernst [ctb], Wolfgang Huber [ctb] ('matchprobes' vignette), Beryl Kanali [ctb] (Converted 'MultipleAlignments' vignette from Sweave to RMarkdown), Haleema Khan [ctb] (Converted 'matchprobes' vignette from Sweave to RMarkdown), Aidan Lakshman [ctb], Kieran O'Neill [ctb], Valerie Obenchain [ctb], Marcel Ramos [ctb], Albert Vill [ctb], Jen Wokaty [ctb] (Converted 'matchprobes' vignette from Sweave to RMarkdown), 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 (2024). *Biostrings: Efficient manipulation of biological strings*. R package version 2.74.1, <https://bioconductor.org/packages/Biostrings>.

Installation

To install this package, start R (version "4.4") and enter:

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

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

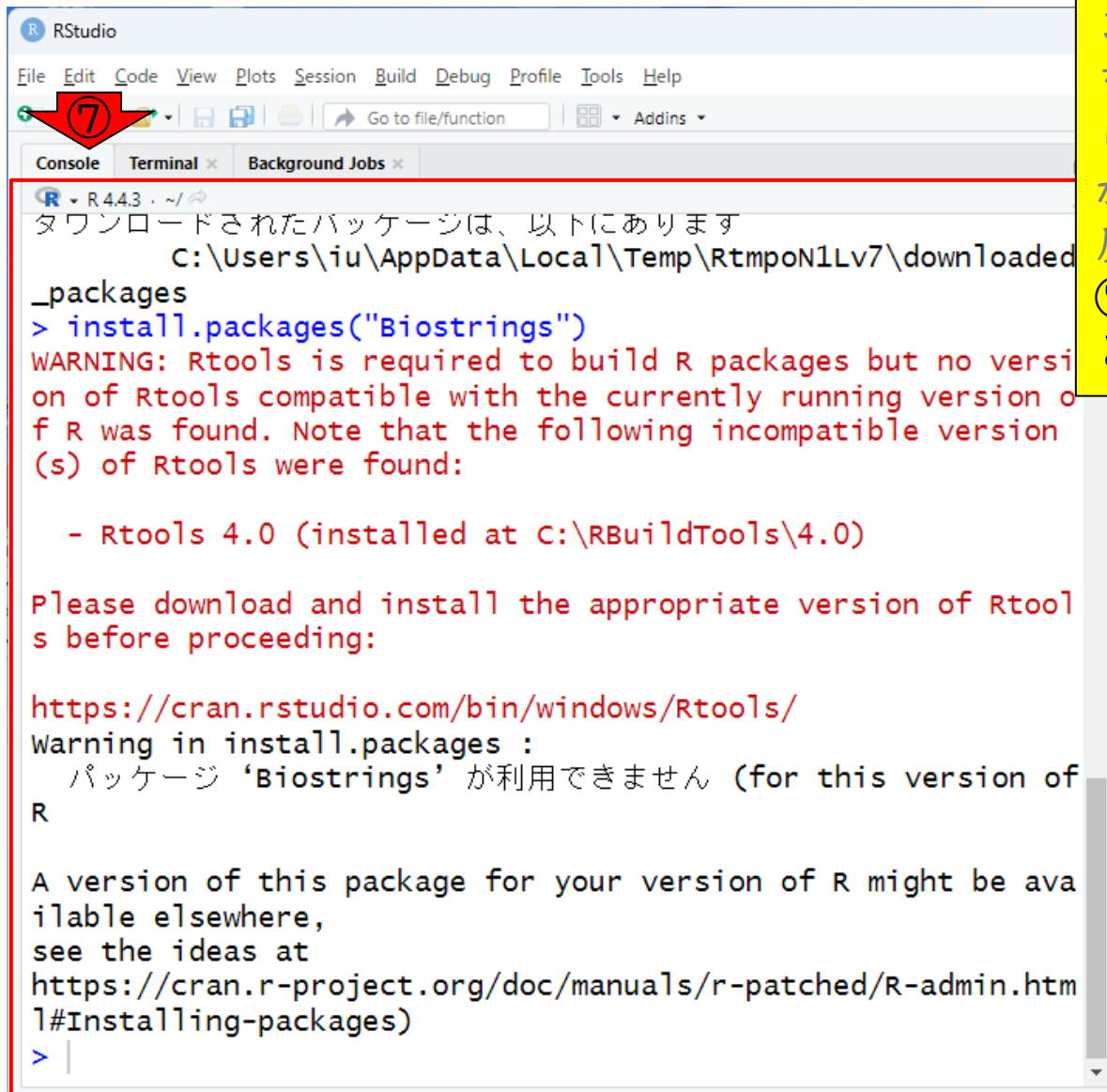


For older versions of R, please refer to the appropriate [Bioconductor release](#).

Documentation

Bioconductorの… 15

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、⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、R 4.4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。これ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。



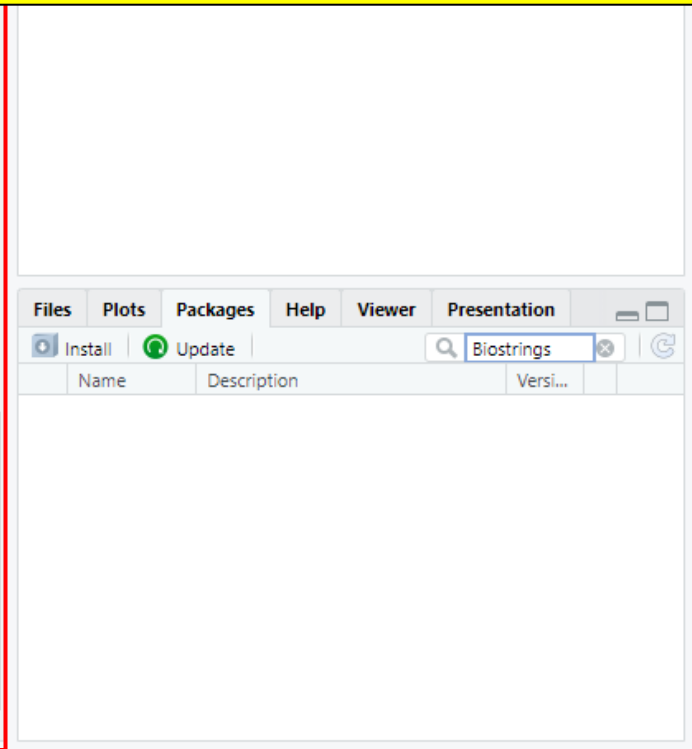
```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function
Console Terminal Background Jobs
R 4.4.3 ~/\
ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
C:\Users\iu\AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloaded
_packages
> install.packages("Biostrings")
WARNING: Rtools is required to build R packages but no version of Rtools compatible with the currently running version of R was found. Note that the following incompatible version(s) of Rtools were found:

- Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0)

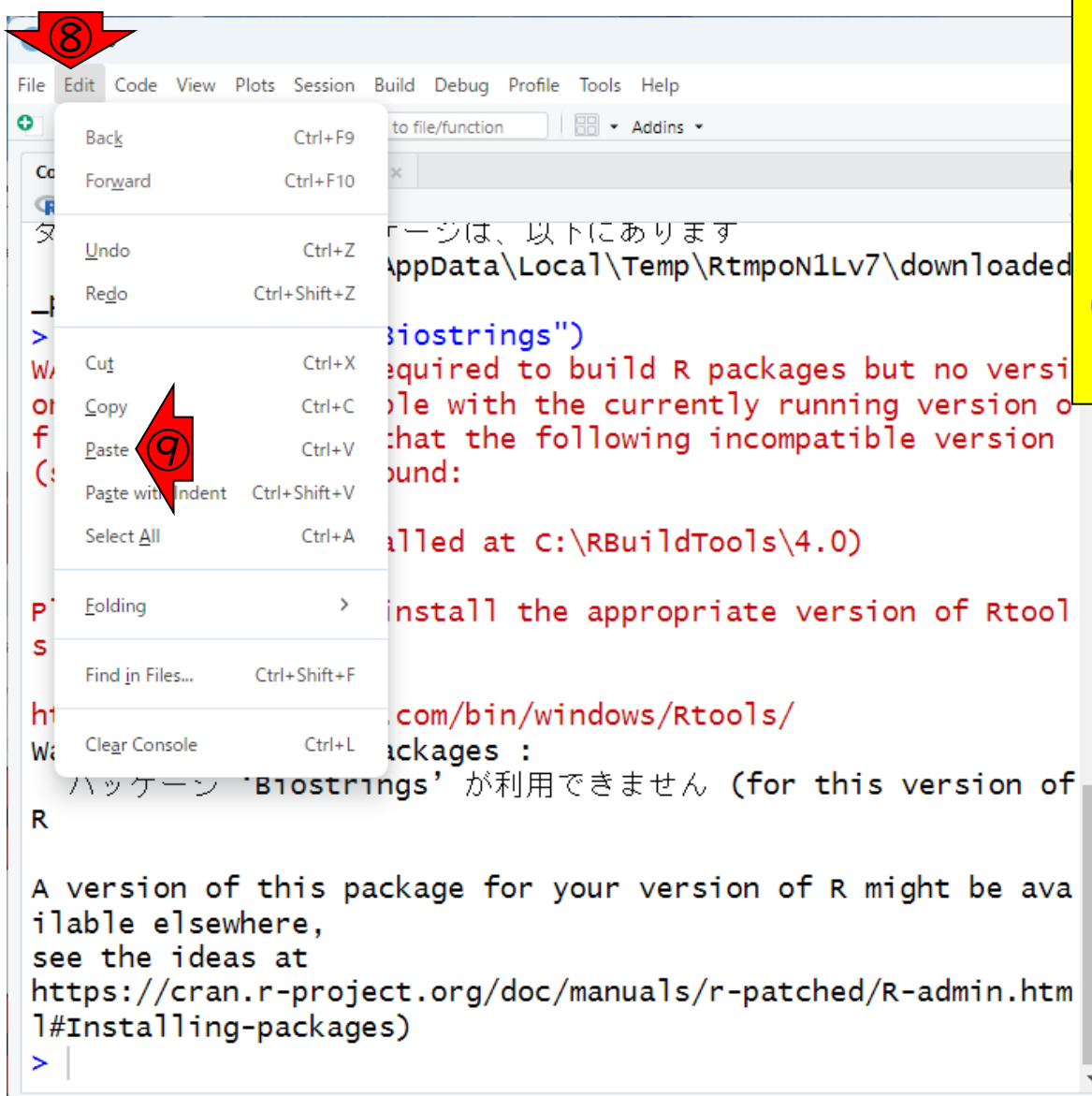
Please download and install the appropriate version of Rtools before proceeding:

https://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/
Warning in install.packages :
  パッケージ 'Biostrings' が利用できません (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
> |
```



Bioconductorの... 16



⑧

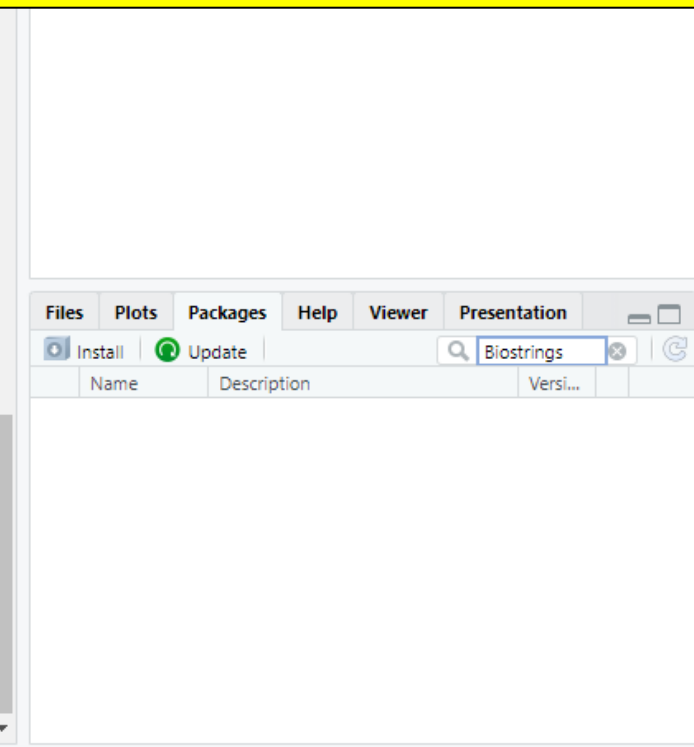
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Back Ctrl+F9
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

⑨

ページは、以下にあります
AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloaded
"Biostrings")
required to build R packages but no version
compatible with the currently running version of R
that the following incompatible version
found:
called at C:\RBuildTools\4.0)
install the appropriate version of Rtools
com/bin/windows/Rtools/
packages :
パッケージ 'Biostrings' が利用できません (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>)
> |

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、⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、R 4.4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。これ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。



Files Plots Packages Help Viewer Presentation

Install Update

Biostrings

Name	Description	Version
------	-------------	---------

Bioconductorの… 17

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、⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、R 4.4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。これ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 4.4.3 ~/\
> install.packages("Biostrings")
WARNING: Rtools is required to build R packages but no version of Rtools compatible with the currently running version of R was found. Note that the following incompatible version(s) of Rtools were found:

- Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0)
```

Please download and install the appropriate version of Rtools before proceeding:

<https://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/>

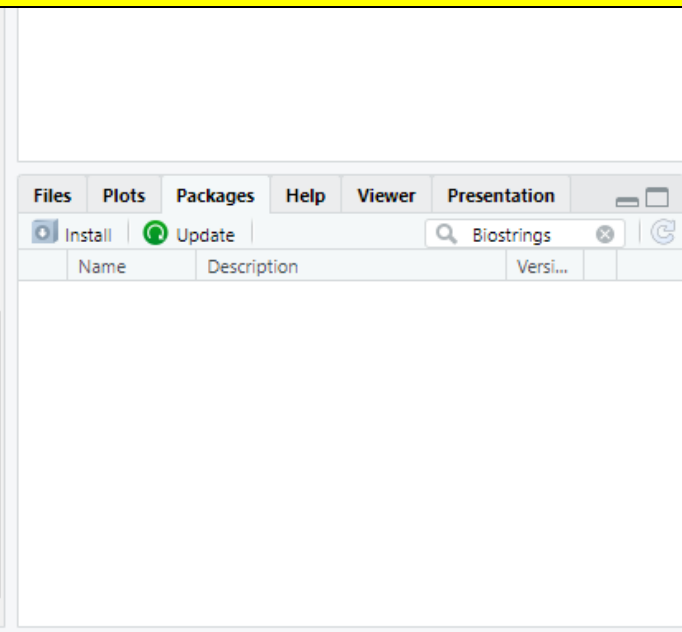
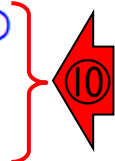
Warning in install.packages :

パッケージ 'Biostrings' が利用できません (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")
```

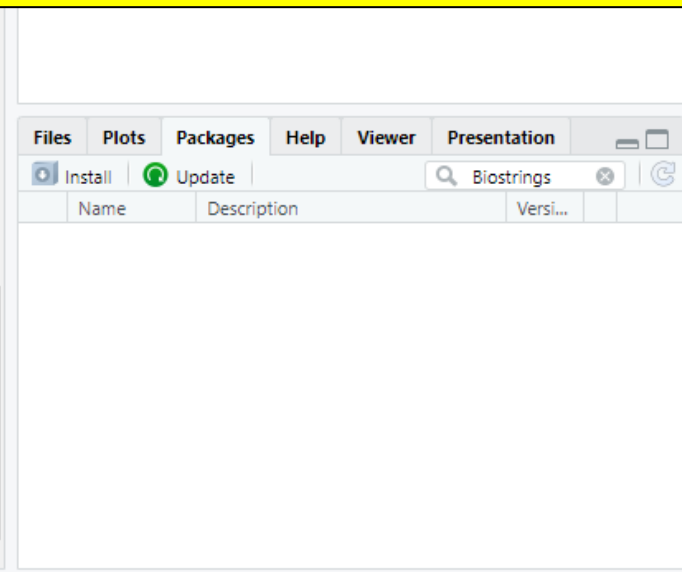
```
BiocManager::install("Biostrings")
```



Bioconductorの… 18

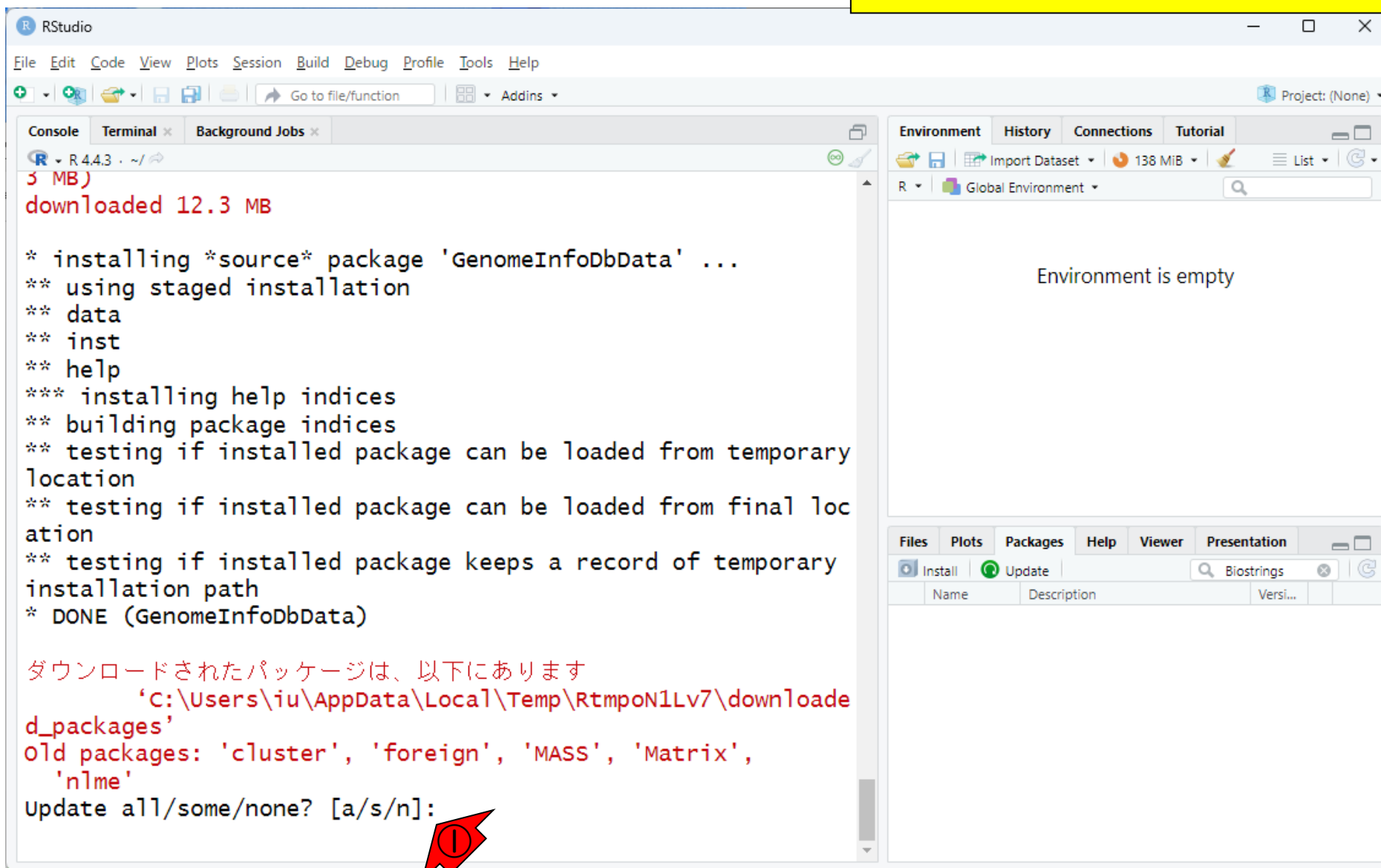
①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④Installationのところでは、⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、R 4.4を起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。これの意味するところは、反転させた⑥のコマンドをコピーして、⑦Console画面の赤枠内でペーストせよ、ということです。⑧Edit、⑨Paste。⑩こんな感じになるので、リターンキーを押して実行。こんな感じでインストールが始まります。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.4.3 ~/\nhttps://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/\nWarning in install.packages : \n  パッケージ 'Biostrings' が利用できません (for this version of R\n\nA version of this package for your version of R might be available elsewhere,\nsee the ideas at\nhttps://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html\nl#Installing-packages)\n> if (!require("BiocManager", quietly = TRUE))\n+   install.packages("BiocManager")\nWARNING: Rtools is required to build R packages but no version of Rtools compatible with the currently running version of R was found. Note that the following incompatible version(s) of Rtools were found:\n\n- Rtools 4.0 (installed at C:\\RBuildTools\\4.0)\n\nPlease download and install the appropriate version of Rtools before proceeding:\n\nhttps://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/
```



Bioconductorの... 19

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...



RStudio interface showing the installation of the `GenomeInfoDbData` package.

Console Output:

```
R 4.4.3 ~/  
3 MB)  
downloaded 12.3 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)
```

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
‘C:\Users\iu\AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloaded_packages’
Old packages: 'cluster', 'foreign', 'MASS', 'Matrix',
'nlme'
Update all/some/none? [a/s/n]:

Environment: Environment is empty

Packages:

Name	Description	Version
Biostrings		

Bioconductorの… 20

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。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal Background Jobs

R 4.4.3 ~

3 MB)
downloaded 12.3 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 loc  
ation  
** 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\iu\AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloaded_packages'
Old packages: 'cluster', 'foreign', 'MASS', 'Matrix',
'nlme'
Update all/some/none? [a/s/n]:
n

Environment History Connections Tutorial

Import Dataset 138 MiB List

R Global Environment

Environment is empty

Files Plots Packages Help Viewer Presentation

Install Update Biostrings

Name	Description	Versi...
------	-------------	----------

Bioconductorの… 21

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。

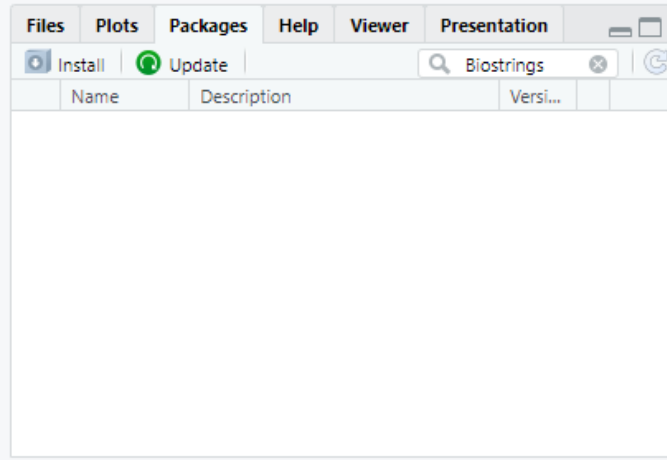
```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.4.3 ~
downloaded 12.3 MB
* installing *source* package 'GenomeInfoDbData' ...
** using staged installation
** data
** inst
** help
*** installing help indices
** 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)
```

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります

```
'C:\Users\iu\AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloaded_packages'
Old packages: 'cluster', 'foreign', 'MASS', 'Matrix',
              'nlme'
Update all/some/none? [a/s/n]:
```

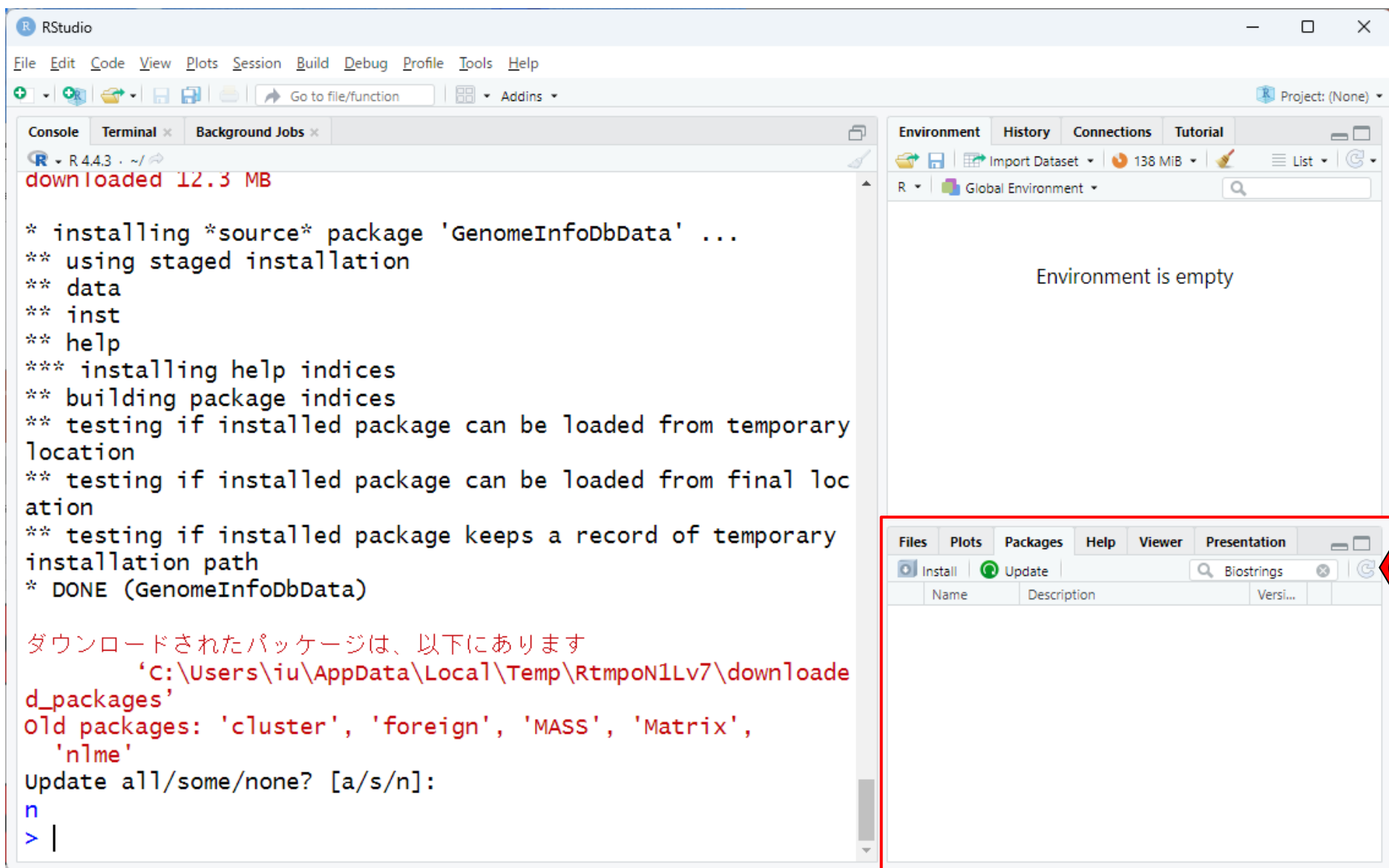
```
n
> |
```

③



Bioconductorの… 22

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.

Console Output:

```
R 4.4.3 ~/  
downloaded 12.3 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)  
  
ダウンロードされたパッケージは、以下にあります  
'C:\Users\iu\AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloaded_packages'  
Old packages: 'cluster', 'foreign', 'MASS', 'Matrix',  
'nlme'  
Update all/some/none? [a/s/n]:  
n  
> |
```

Environment: Environment is empty

Packages: The Packages pane shows the installed packages. A red box highlights the `Biostrings` package, and a red arrow points to the `Update` button.

Bioconductorの… 23

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。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.4.3 ~
downloaded 12.3 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)

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
'C:\Users\iu\AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloaded_packages'
Old packages: 'cluster', 'foreign', 'MASS', 'Matrix', 'nlme'
Update all/some/none? [a/s/n]:
n
> |
```

Environment is empty

Files Plots Packages Help Viewer Presentation

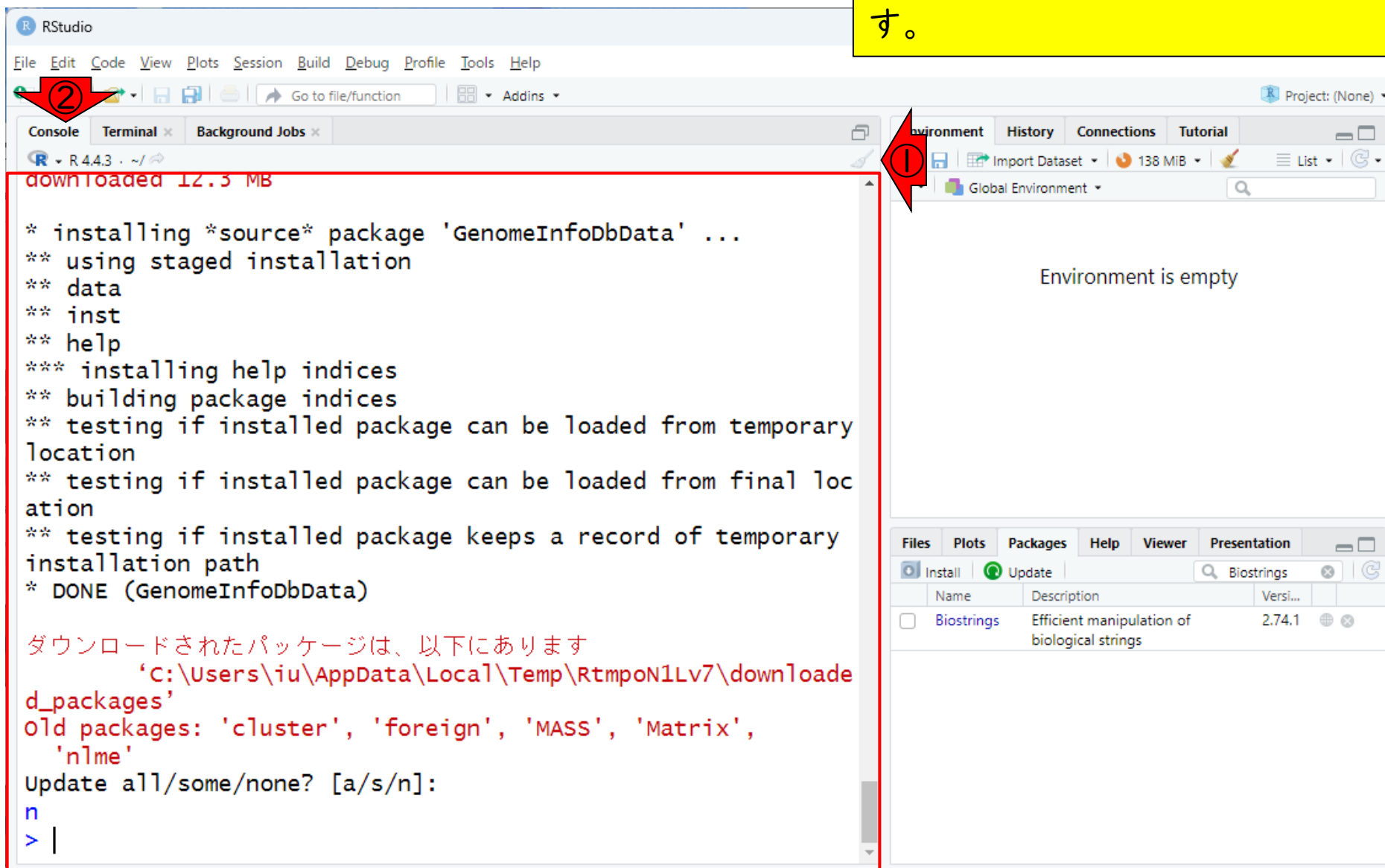
Install Update

Name	Description	Version
☐ Biostrings	Efficient manipulation of biological strings	2.74.1



Bioconductorの… 24

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、② Console画面をクリアすることができます。



RStudio interface showing the installation of the `GenomeInfoDbData` package.

Console Output:

```

downloaded 12.3 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)

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
'C:\Users\iu\AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloaded_packages'
Old packages: 'cluster', 'foreign', 'MASS', 'Matrix', 'nlme'
Update all/some/none? [a/s/n]:
n
> |
  
```

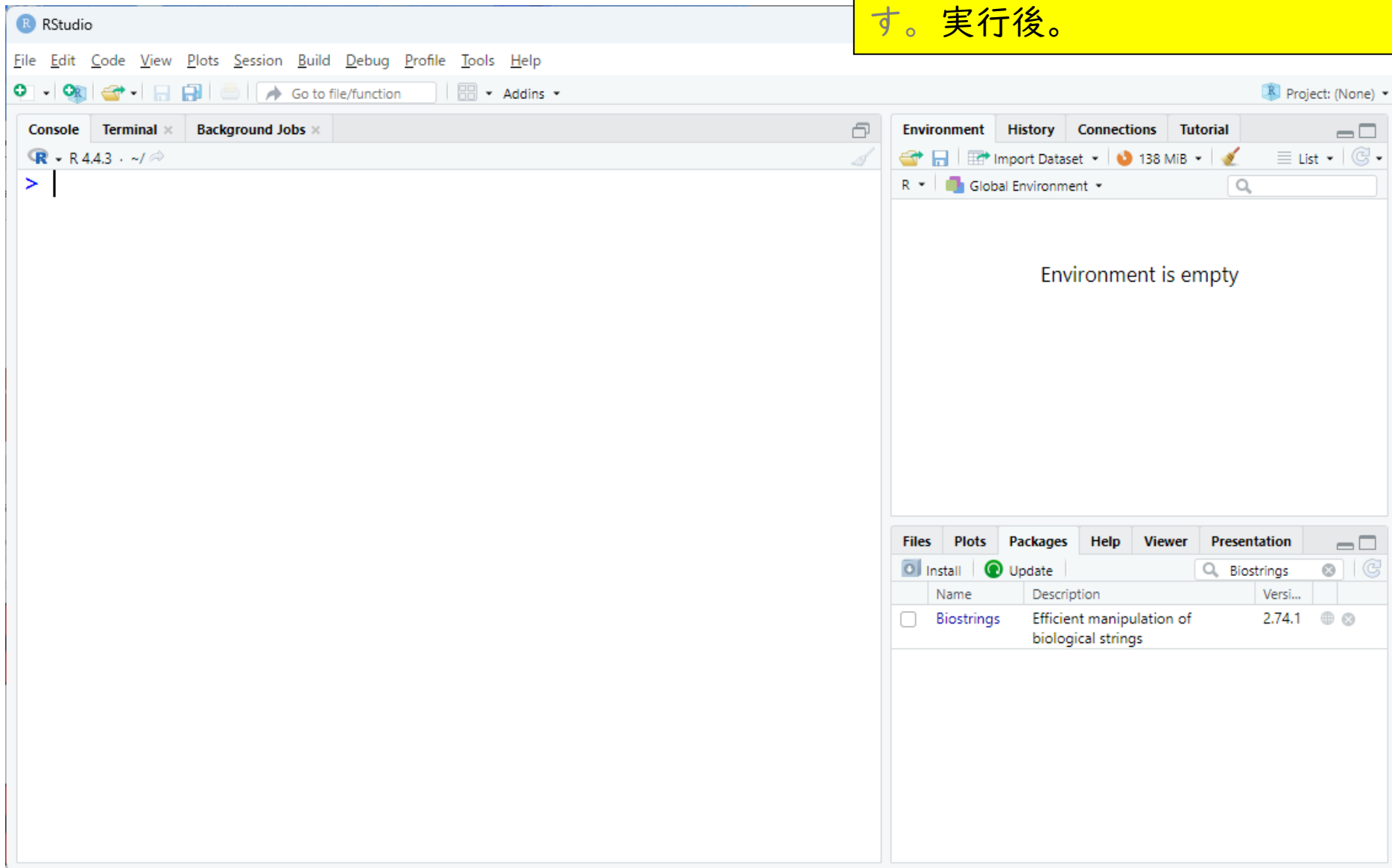
Environment: Environment is empty

Packages:

Name	Description	Version
☐ Biostrings	Efficient manipulation of biological strings	2.74.1

Bioconductorの… 25

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、② Console画面をクリアすることができます。実行後。



Bioconductorの… 26

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 selected, displaying a list of executed commands. A red arrow labeled ③ points to the History tab. Another red arrow labeled ④ points to the 'To Console' button in the History tab. A third red arrow labeled ⑤ points to the 'はい(Y)' button in the 'Confirm Clear History' dialog box.

Environment History Connections Tutorial

q()
q()
x <- 1
q()
x<-1]
demo()
install.packages("e1071")
install.packages("Biostings")
if (!require("BiocManager", quiet...
install.packages("BiocManager")
BiocManager::install("Biostings")

Files Plots Packages Help Viewer Presentation

Install Update

	Name	Description	Version
☐	Biostings	Efficient manipulation of biological strings	2.74.1

Confirm Clear History

Are you sure you want to clear all history entries?

はい(Y) いいえ(N)

Bioconductorの… 27

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 with the History tab selected. The console on the left shows a prompt '>'. The History panel on the right is empty. The Packages panel at the bottom right shows the 'Biostrings' package installed and updated.

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Project: (None)

Environment History Connections Tutorial

To Console To Source

Files Plots Packages Help Viewer Presentation

Install Update Biostrings

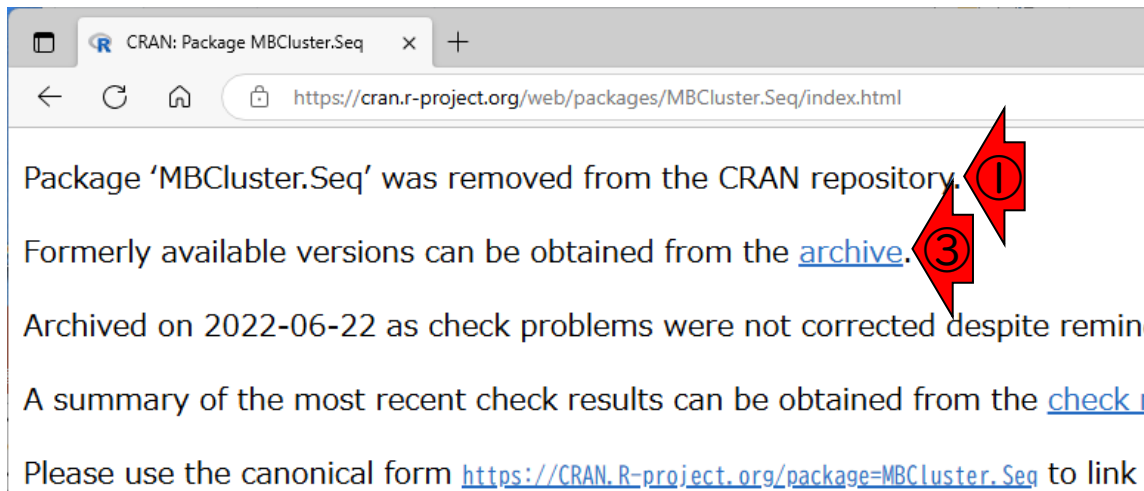
	Name	Description	Versi...
☐	Biostrings	Efficient manipulation of biological strings	2.74.1

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）

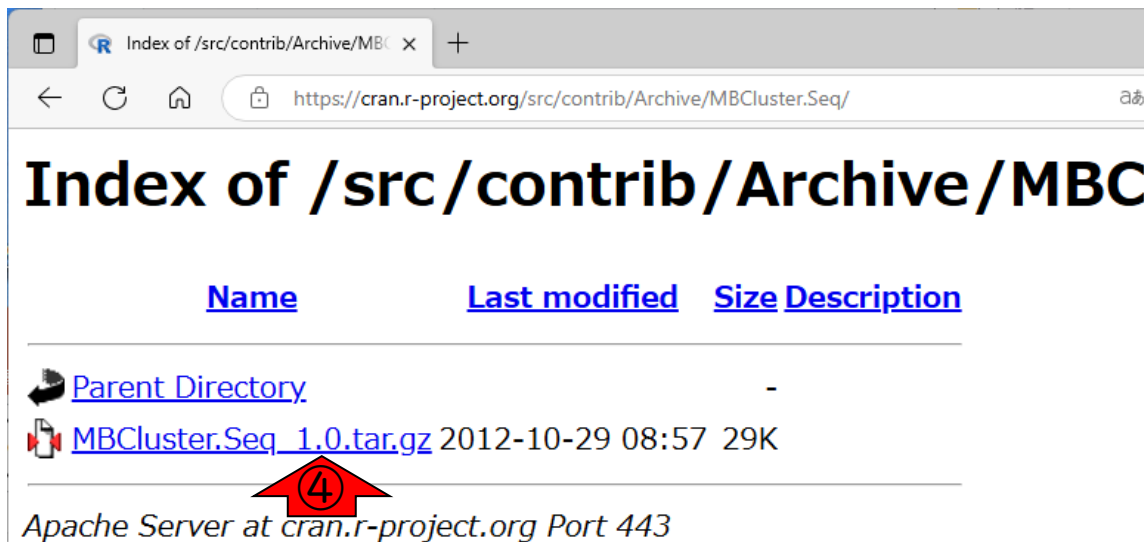
.tar.gz ファイルの…

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。



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

.tar.gz ファイルの…



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

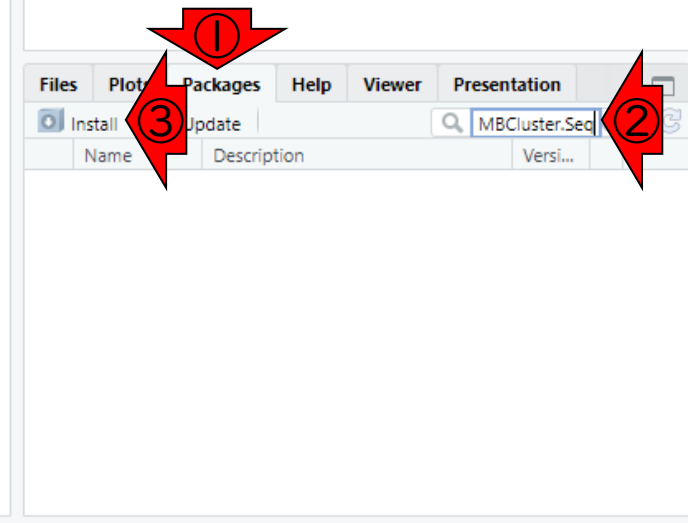
Name	Last modified	Size	Description
Parent Directory	-		
MBCluster.Seq_1.0.tar.gz	2012-10-29 08:57	29K	

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。

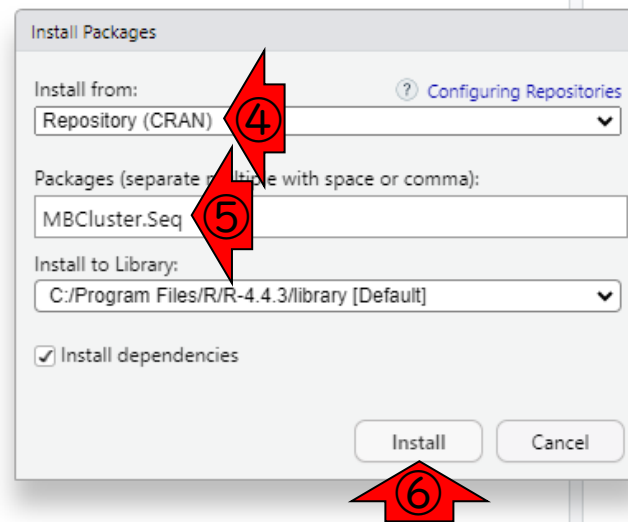
.tar.gz ファイルの...

① Packages タブ上で、② `MBCluster.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、③ Install 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。



.tar.gz ファイルの...

① Packages タブ上で、② MBCluster.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、③ Install を押して、さきほどの CRAN からインストールできないことを確認します。④ CRAN では、⑤ MBCluster.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、⑥ Install。



Packages			
install	Update	Search	MBCluster.Seq
Name	Description	Version	

.tar.gz ファイルの...

①のコマンドが実行されましたが、②「利用できません」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 pane on the left displays the output of the `install.packages("MBCluster.Seq")` command. A red arrow labeled ① points to the command line. The output shows a warning about Rtools and a message that the package 'MBCluster.Seq' cannot be used for this version of R. The Packages pane on the right shows the 'MBCluster.Seq' package listed as 'Not installed'. A red arrow labeled ② points to the 'Install' button, and a red arrow labeled ③ points to the search bar in the Packages pane.

```
> install.packages("MBCluster.Seq")
WARNING: Rtools is required to build R packages but no version
of Rtools compatible with the currently running version of
R was found. Note that the following incompatible version(s)
of Rtools were found:

- Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0)

Please download and install the appropriate version of Rtools
before proceeding:

https://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/
Warning in install.packages :
  パッケージ 'MBCluster.Seq' が利用できません (for this version
of R

A version of this package for your version of R might be avai
lable elsewhere,
see the ideas at
https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html
#Installing-packages)
> |
```

Environment History Connections Tutorial

install.packages("MBCluster.Seq")

Files Plots Packages Help Viewer Presentation

Install Update MBCluster.Seq

Name	Description	Versi...
MBCluster.Seq		

.tar.gz ファイルの...

①のコマンドが実行されましたが、② not availableからわかるように、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...

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal Background Jobs

R 4.4.3 ~/\

```
> install.packages("MBCluster.Seq")
```

WARNING: Rtools is required to build R packages but no version of Rtools compatible with the currently running version of R was found. Note that the following incompatible version(s) of Rtools were found:

- Rtools 4.0 (installed at C:\Program Files\R\Rtools4.0\bin\)

Please download and install the before proceeding:

<https://cran.rstudio.com/bin/windows/installer/latest-debian.exe>

Warning in install.packages :
パッケージ 'MBCluster.Seq' が利用できません
of R

A version of this package for your system is not available elsewhere, see the ideas at <https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html#Installing-packages>

> |

install.packages("MBCluster.Seq")

Install Packages

Install from: Repository (CRAN) ⑤

Configuring Repositories

Packages (separate multiple with space or comma):

Install to Library: C:/Program Files/R/R-4.4.3/library [Default]

☒ Install dependencies

Install Cancel

Plot Packages Help Viewer Presentation

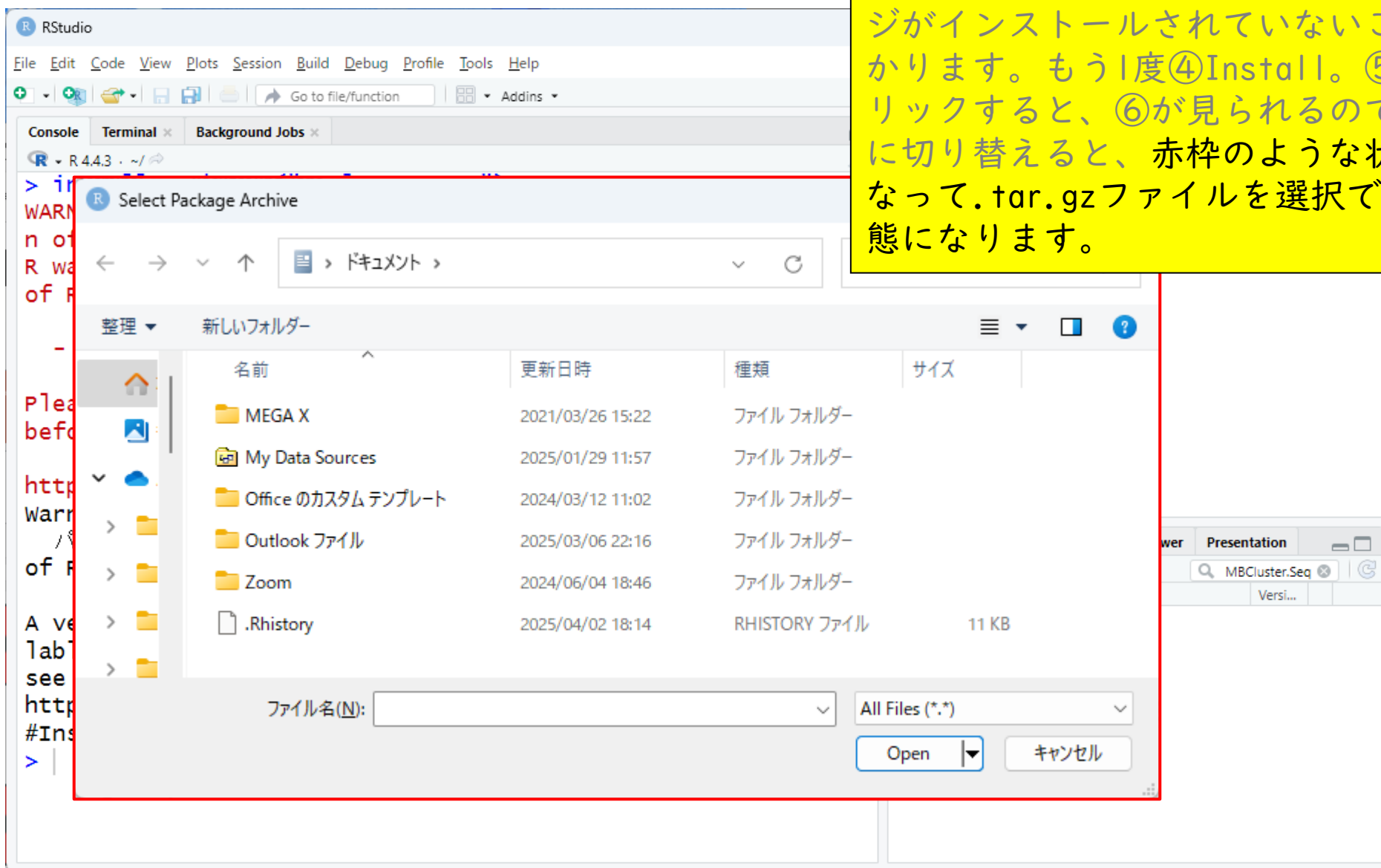
install Update ④

Search MBCluster.Seq

Name	Description	Version
------	-------------	---------

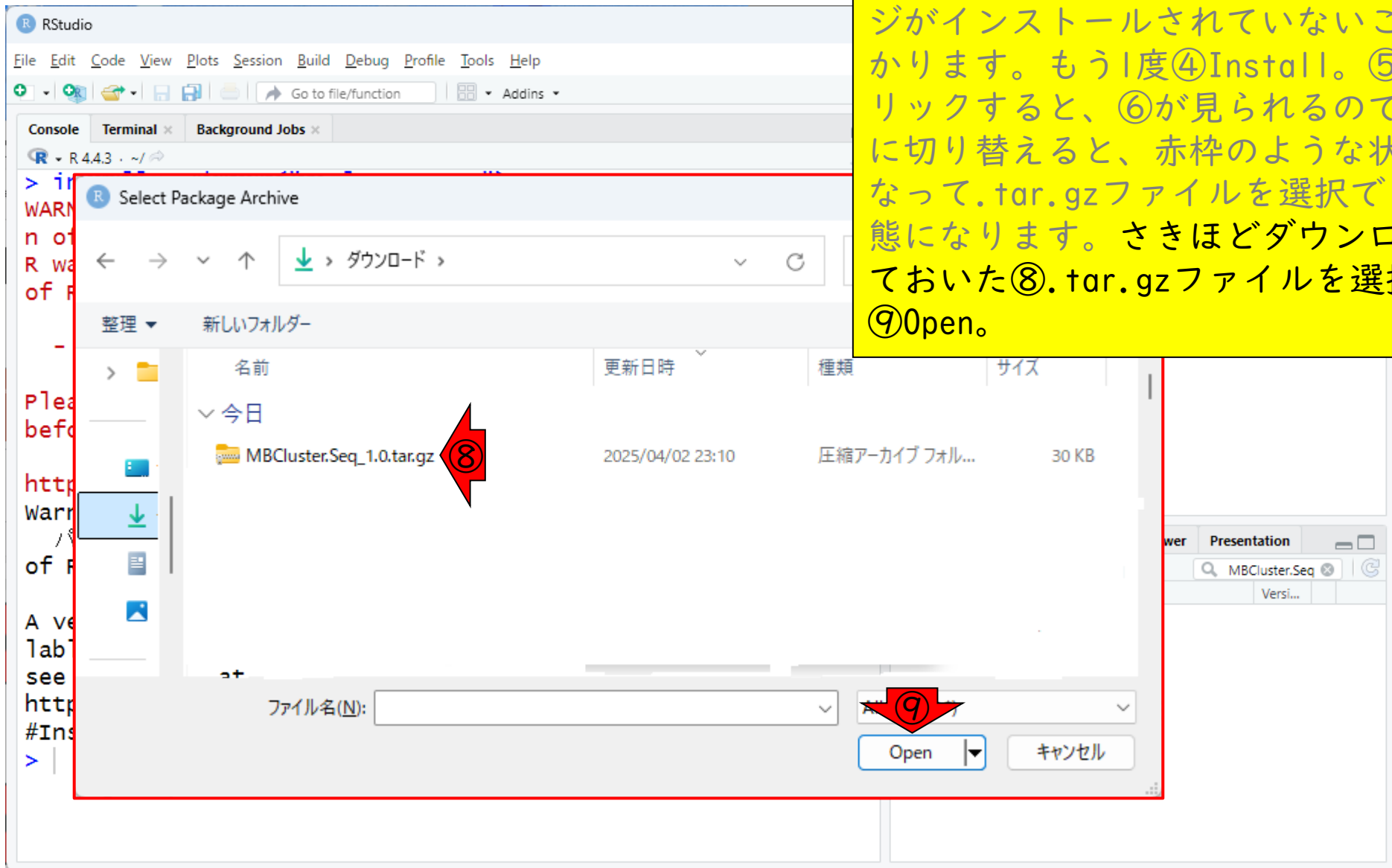
.tar.gz ファイルの…

①のコマンドが実行されましたが、② not 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って、.tar.gzファイルを選択できる状態になります。



.tar.gzファイルの…

①のコマンドが実行されましたが、② not availableからもわかるように、③ リロードしてもMBCcluster.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って、tar.gzファイルを選択できる状態になります。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。



.tar.gz ファイルの...

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。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Project: (None)

Environment History Connections Tutorial

install.packages("MBCluster.Seq")

WARNING: Rtools is required to build R packages but no version of Rtools compatible with the currently running version of R was found. Note that the following incompatible version(s) of Rtools were found:

- Rtools 4.0 (installed at C:\Program Files\R\Rtools4.0\bin\

Please download and install the Rtools before proceeding:

<https://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/>

Warning in install.packages :
パッケージ 'MBCluster.Seq' が利用できません。Rのバージョン 4.4.3 には、このパッケージのバージョン 1.0.0 が必要です。このバージョンの R をインストールして、このバージョンの R を実行してください。

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>

> |

Install Packages

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

Package archive:
C:/Users/iu/Downloads/MBCluster.Seq_1.0.tar.gz Browse...

Install to Library:
C:/Program Files/R/R-4.4.3/library [Default]

Install Cancel

Plots Packages Help Viewer Presentation

install Update MBCluster.Seq

Name	Description	Versi...
------	-------------	----------

.tar.gz ファイルの...

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 command `install.packages("C:/Users/iu/Downloads/MBCluster.Seq_1.0.tar.gz", repos = NULL, type = "source")` and its output, including a warning about Rtools and successful installation details.
- Environment:** Shows the command `install.packages("MBCluster.Seq")` and `install.packages("C:/Users/iu/Down...")`.
- Packages:** A table showing the installation progress for 'MBCluster.Seq'.

```
table elsewhere,  
see the ideas at  
https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html#Installing-packages  
> install.packages("C:/Users/iu/Downloads/MBCluster.Seq_1.0.  
tar.gz", repos = NULL, type = "source")  
WARNING: Rtools is required to build R packages but no versi  
on of Rtools compatible with the currently running version o  
f R was found. Note that the following incompatible version  
(s) of Rtools were found:  
  
- Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0)  
  
Please download and install the appropriate version of Rtool  
s before proceeding:  
  
https://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/  
* installing *source* package 'MBCluster.Seq' ...  
** package 'MBCluster.Seq' successfully unpacked and MD5 sum  
s checked  
** using staged installation  
** R  
** data  
** byte-compile and prepare package for lazy loading
```

Name	Description	Versi...
MBCluster.Seq		

.tar.gz ファイルの…

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。

- Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0)

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 sum  
s 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 loc  
ation  
** testing if installed package keeps a record of temporary  
installation path  
* DONE (MBCluster.Seq)  
> |
```

④

Files Plots Packages Help Viewer Presentation			
Install Update MBCluster.Seq			
Name	Description	Version	
☐ MBCluster...	Model-Based Clustering for RNA-seq Data	1.0	

⑤

Bioconductorの… |

①現在のBioconductorのバージョンは3.20で、R 4.4.0以上で動作すること、また②開発中のBioconductor 3.21は、R 4.5.0が必要になることが書かれています。既にRの準備はできているので、③下にスクロール。

The screenshot shows the Bioconductor website's installation page. At the top, a blue banner contains text about registration for GBCC2025. Below this is the Bioconductor logo and a navigation menu. The main heading is 'Get started' followed by '1. Install R'. The text explains that the current release is version 3.20, which works with R version 4.4.0 or later. It notes that users of older R versions must update their installation. A second paragraph mentions the development version 3.21, which works with R version 4.5.0. Below this, a list of two steps is provided: 1. Download the most recent version of R, and 2. Start the R program. Three red arrows with numbers 1, 2, and 3 point to the first paragraph, the second paragraph, and the list of steps, respectively.

Bioconductor - Install x +

https://bioconductor.org/install/

Registration and Abstract Submission Open for
△ **GBCC2025: Joint Galaxy/Bioconductor Conference**
Early registration discount pricing ends March 31!

Bioconductor
OPEN SOURCE SOFTWARE FOR BIOINFORMATICS

Menu ≡

Home > **Install**

Get started

1. Install R

The current release of Bioconductor is version 3.20; it works with R version 4.4.0. Users of older R and Bioconductor must update their installation to take advantage of new features and to access packages that have been added to Bioconductor since the last release.

The development version of Bioconductor is version 3.21; it works with R version 4.5.0. More recent 'devel' versions of R (if available) will be supported during the next Bioconductor release cycle.

1. Download the most recent version of R. The R FAQs and the R Installation and Administration Manual contain detailed instructions for installing R on various platforms (Linux, OS X, and Windows being the main ones).
2. Start the R program; on Windows and OS X, this will usually mean double-clicking on the R application, on UNIX-like systems, type "R" at a shell prompt.