2025.06.02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Windowsll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:@Agribio_utokyo

- 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)



← 設定

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。

8		アプ!		1.80 MB	÷
設定の検索		10.0	3.9.7400.0 Python Software Foundation 2021/04/07		
- システム	[R for Windows 4.0.3 4.0.3 R Core Team 2021/01/21	155 MB	:
 Bluetooth とデバイス 		Ø	Realtek Audio Console Realtek Semiconductor Corp 2021/01/04	24.0 KB	:
ネットワークとインターネット/ 個人用設定		248	Realtek High Definition Audio Driver 6.0.8685.1 Realtek Semiconductor Corp. 2020/04/01	47.8 MB	:
 アプリ アカウント 	2	R	RStudio 1.4.1103 RStudio 2021/12/03		:
 ・ ・ ・ ・ ・ ・ ・ ・ ・ ・ ・ ・ ・ ・ ・	3	M	Rtools 4.0 (4.0.0.28) 4.0 The R Foundation 2021/01/21	1.01 GB	:
☆ マカゎミルリニティ	,		Siorra Wiroloss Mobile Proadband Driver Package		

事前準備 2

設定

 \leftarrow

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。

8	アプリ > アプリと機能 3.9.7400.0 Python Software Foundation 2021/04/07 1.80 M	1B :
	Realtek Audio Console 24.0 K Realtek Semiconductor Corp 2021/01/04 24.0 K	ав :
 システム Bluetooth とデバイス 	Realtek High Definition Audio Driver 47.8 N 6.0.8685.1 Realtek Semiconductor Corp. 2020/04/01 47.8 N	1B :
 ネットワークとインターネット 個人用設定 	Sierra Wireless Mobile Broadband Driver Package 7.70.4957.0003 Sierra Wireless, Inc. 2021/12/03 397 N	IB :
アプリアカウント	Skype 2022/03/21 26.4 N	IB :
 5 時刻と言語 5 ゲーム 	Slack 93.8 N 4.24.0 Slack Technologies Inc. 2022/03/01 93.8 N	IB :
* ¬カセミルリーティ	Spinning Tool	



		次は、以前にインストール済みのR
事前準備 4		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
🔁 Local X +		しフォルダなのてわかりづらいてす が)①「AppData - Local」フォルダ
④ 新規作成 ∽ 从 □ □ □ ▲	☞ ① 1↓ 並^	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。
(→ ~ 个 🗀 « ユーザー > kadota > AppD	Data > Local >	/ C Localの検 ノ
名前	更新日時	種類サイズ
Programs	2022/05/28 19:15	ファイル フォルダー
Publishers	2021/01/04 12:48	ファイル フォルダー
renv 🔁	2023/03/13 15:24	ファイル フォルダー
✓ I r-reticulate	2021/01/21 12:56	ファイル フォルダー
> Sentry	2022/10/08 12:42	ファイル フォルダー
> slack	2023/03/28 0:28	ファイル フォルダー
 SolidDocuments 	2021/12/24 14:24	ファイル フォルダー
> SquirrelTemp	2022/11/16 7:02	ファイル フォルダー
39 個の項目		

- 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

①CRANのページにて、②Download R for Windows。



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

①CRANのページにて、②Download R for Windows。③base。

R本体のインストール 2



R本体のインストール 3

+

R The Comprehensive R Archive N ×

①CRANのページにて、②Download R for Windows。③base。④インストー ラをダウンロード。2025年6月2日現在 の最新版は4.5.0です。

P C cran.r-project.org জ্য ភ ۵ ല 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 CRAN Mirrors This build requires UCRT, which is part of Windows since Windows 10 and Windows What's new? Server 2016. On older systems, UCRT has to be installed manually from here. Search **CRAN** Team 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 About R fingerprint on the master server. R Homepage The R Journal Frequently asked questions • Does R run under my version of Windows? Software How do I update packages in my previous version of R? **R** Sources R Binaries Please see the <u>R FAQ</u> for general information about R and the <u>R Windows FAQ</u> for Packages Windows-specific information. Task Views Other Other builds A pre-release version for the forthcoming R-4.5.0 is available. Documentation Patchos to this release are incorporated in the r-patchod spanshot build

⑤ダウンロード中。ブラウザによって 見え方が異なります。

R本体のインストール 4



11

ダウンロード完了後の状態。

R本体のインストール 5



N			ダウンロード完了	7後の状態。①ダウン
R本体	「のインスト	ール6	ロード先にある、 をダブルクリック	②R-4.4.3-win.exe 7 _。
← R The Comprehen	nsive R Archive N × +	-	- 🗆 X	
< → C ⋒	cran.r-project.org	Ē ₁ ☆	ଟ ପ 🛓 💩 :	
	R	-4.4.3 for Windows		Î
	Download R-4.4.3 for Wi	ndows (85 megabytes, 64 b	it)	
CRAN	README on the Windows bina	ダウンロード	× +	×
<u>Mirrors</u> <u>What's new?</u> Search	This build requires UCRT, v Server 2016. On older syst	→ ↑ C	□ > … ダウンロ-	ド > (ダウ: Q
<u>CRAN Team</u>	If you want to double-chec)新規作成 🗸 🥇 🕻) 👔 🖉	•••
<i>About R</i> <u>R Homepage</u> <u>The R Journal</u>	fingerprint on the master s	4前 ✓ 今日	サイズ	種類
<i>Software</i> <u>R Sources</u>	 Does R run under my How do I update pack 	📥 R-4.4.3-win.exe	<mark>2</mark> 86,2	252 KB アプリケーション
<u>R Binaries</u> <u>Packages</u> <u>Task Views</u>	Please see the <u>R FAQ</u> for g Windows-specific information.	個の項目 1 個の項目を選択 &	34.2 MB	
<u>Other</u>		Other builds		
Documentation	A <u>pre-release</u> version for the patches to this release are	ne forthcoming R-4.5.0 is ava	ailable. d spapshot build	•

①OK、②次へ。

R本体のインストール 7





The licenses for most software are designed to take away your freedom to share and change it. By contrast, the GNU General Public



 \times

		:インストール
R本体のインストール		
R for Windows 4.4.3 セットアップ — □ ×		
インストール先の指定 R for Windows 4.4.3 のインストール先を指定してください。		
R for Windows 4.4.3 をインストールするフォルダを指定して、「次へ」をクリックして ください。		
続けるには「次へ」をクリックしてください。別のフォルダーを選択するには「参照」をクリックして ください。		
C:¥Program Files¥R¥R-4.4.3 参照(R)	┌┵┓ R for Windows 4.4.3 セットアップ	- 🗆 X
	コンボーネントの選択 インストールコンボーネントを選択してください。	R
	インストールするコンボーネントを選択してください。 インストールす トはチェックを外してください。 続行するには「)次へ」 をクリックしてくた	る必要のないコンポーネン ざい。
	利用者向けインストール	~
	Main Files	94.1 MB
展る個 次へN キャンセル 2	Message translations	10.2 MB
	現在の選択は最低 181.7 MB のディスク空き領域を必要としま	<i>व</i> .
	戻る個)	なへし キャンセル
		3

	①デフォルトではここにインストール
R本体のインストール	9 されます。②次へ。③次へ。④次へ。 5次へ。
└── R for Windows 4.4.3 セットアップ	
起動時オブション 起動時オプションをカスタマイズしますか?	
「はい」または「いいえ」を選択し、「次へ」をクリックして下ざい	
○ はい (カスタマイズする)	
○ いいえ (デフォルトのまま)	
	🗠 R for Windows 4.4.3 セットアップ — 🗆 🗙
	スタートメニューフォルダーの指定 プログラムのショートカットを作成する場所を指定してください。
	続けるには「次へ」をクリックしてください。違うフォルダーを選択するには「参照」をクリックしてく ださい。
戻る個 次へM キャンセル	₹
	スタートメニューフォルダーを作成しない(D)
	戻る個 次へ回 キャンセル
	(5)

R本体のインストール 10

📥 R for Windows 4.4.3 セットアップ

X

R

追加タスクの選択 実行する追加タスクを選択してください。

R for Windows 4.4.3 インストール時に実行する追加タスクを選択して、「次へ」をクリックしてください。

アイコンを追加する:

☑ デスクトップ上にアイコンを作成する(0)

クイック起動アイコンを作成する(Q)

レジストリ項目:

🔽 バージョン番号をレジストリに保存する

🔽 R を 拡張子 .RData に関連づける

戻る(1) 次/	 キャンセル
(6

 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。
 日分程度で終わります。

🚽 R for Windows 4.4.3 セットアップ

×

P

インストール状況

ご使用のコンピューターにR for Windows 4.4.3 をインストールしています。しばらくお 待ちください。

ファイルを展開しています... C:¥Program Files¥R¥R-4.4.3¥doc¥manual¥R-exts.pdf



キャンセル

R本体のインストール II

📥 R for Windows 4.4.3 セットアップ

R for Windows 4.4.3 セットアップウィザードの完了

ご使用のコンピューターにR for Windows 4.4.3 がセットアップされ ました。アプリケーションを実行するにはインストールされたショートカ ットを選択してください。

セットアップを終了するには「完了」をクリックしてください。



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。
Ⅰ分程度で終わります。⑧完了。

- 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	3	ファイルの拡張子を明 行います。①のシスラ 窓で「設定」と打ち込	月示させる作業を ⁻ム画面は、検索 └めば見られます。
← 設定		(2)検索窓のところで 込むと、③が見られま	「拡張子」と打ち こんな感じ
	システム > 開発者向け	になるので、④オン。	
	Q≓ アハ1人か USB 接続とロールル ベットワークにま します。	इंग्रहेरीवर्ष्ट्राट ४७ 🔍 🔪	
設定の検索 9	タスクの終了	77	
🏫 т-д			
システム	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	をして開発者に優しいエクスペリエン へ	
😢 Bluetooth とデバイス	スを実現します		
マ ネットワークとインターネット	ファイル拡張子を表示する	オン 🌑 🝊 🛛	
🥖 個人用設定	非表示のファイルとシステムファイルを表		
アプリ	7-42/10/27/10/27/10/232		
💄 アカウント	タイトル バーに完全なパスを表示する	<i>オ</i> フ ●	
○ 時刻と言語	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 オフ ●	
● プーム	表示する		

PC環境設定	4	参考 うまく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 を開き、①メニューをクリックし、プ
☆ ホーム × +		$- \Box \mu \gamma \nabla \gamma \gamma \gamma z - 1 - 0 (2) \pi \gamma \gamma \gamma z - 2 \gamma \gamma$
$\leftrightarrow \rightarrow \uparrow C$ $\bigcirc \pi$ -A		ホームの検 マ
① 新規作成 × 🔏 🗘 🗋 🚇	ē 🗊 🔍	
	 № 並べ替え、。 8二 表示 > ♡ フィルター > ♡ 元に戻す ジ 元に戻す ジ 元に戻す 鍵 すべて選択 器 選択解除 鍵 調択の切り替え ジ ブロパティ ☆ オプション 2 	



- 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



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

①RStudioのダウンロードサイト。②

少しページ下部に移動。



①RStudioのダウンロードサイト。② 少しページ下部に移動。③の作業は完 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という理解でよい です。Windows以外のOS用のものは、 ⑤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.

2: Install RStudio

DOWNLOAD RSTUDIO DESKTOP FOR WINDOWS

Size: 265.28 MB | SHA-256: BB369743 | Version: 2024.12.1+563 | Released: 2025-02-13

DOWNLOAD AND INSTALL R

			Windows用の⑥ ● ンク先と同じ)は、さきほ) です。	どの④の	リ
ŀ	(Studiod)	インストール	3			_
• 💌	RStudio Desktop - Posit × +				- 0 ×	:
$\leftarrow \rightarrow$	C 🎧 😁 posit.co/download/r	studio-desktop/		🖻 🛧 🤗 🗅	⊻ @ :	
	posit products ~	OPEN SOURCE \checkmark USE CASES \checkmark PARTNERS \checkmark	LEARN & SUPPORT \sim About \sim		Q	
	OS	Download	Size	SHA-256		
	Windows 10/11	RSTUDIO-2024.12.1-563.EXE ± 6	265.28 MB	BB369743		
	macOS 13+	RSTUDI0-2024.12.1-563.DMG ⊻	557.15 MB	BE73D3A9		
	Ubuntu 20/Debian 11	RSTUDIO-2024.12.1-563-AMD64.DEB ⊻	203.14 MB	EE259A88		
	Ubuntu 22/Debian 12	RSTUDI0-2024.12.1-563-AMD64.DEB ⊻	203.17 MB	710931EC		
	Ubuntu 24	RSTUDIO-2024.12.1-563-AMD64.DEB ⊻	203.17 MB	710931EC		

F	RStudioの	インストール	Windows用の⑥ ンク先と同じて ダウンロード。)は、さきほどの です。⑥をクリ	の④のリ ックして
•	RStudio Desktop - Posit × +			-	_ X
$\leftarrow \rightarrow$	C 🎧 😁 posit.co/download/r	rstudio-desktop/		🖻 🖈 🥜 🖸 🛛	<u>)</u> @ :
	posit products ~	OPEN SOURCE \checkmark USE CASES \checkmark PARTNERS \checkmark	LEARN & SUPPORT \checkmark About \checkmark	Q	
	OS	Download	Size	SHA-256	
	Windows 10/11	RSTUDIO-2024.12.1-563.EXE ± 6	265.28 MB	BB369743	
	macOS 13+	RSTUDI0-2024.12.1-563.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	_
nttps://dow	IIhuntu 24 vnload1.rstudio.org/electron/windows/RStudio-2	RSTUDIO-2024.12.1-563-AMD64.DEB ⊻ 2024.12.1-563	203.17 MB	710931EC	

2			ダウンロ	コードが完了した	こので、①をク
R	RStudioの	インストール	5 ^{9 9 7}	して②インストー	-ラを実行。
•	RStudio Desktop - Posit × +		•		×
\leftrightarrow \rightarrow	C බ ≅ posit.co/download/r	rstudio-desktop/			한 🛃 🕲 🗄
	posit products ~	OPEN SOURCE \sim USE CASES \sim PARTNERS \sim	LEARN & SUPPORT	RStudio-2024.12.1-563.exe 253 MB • 完了	
	os	Download	Size	SHA-256	
	Windows 10/11	RSTUDIO-2024.12.1-563.EXE ⊻	265.28	MB <u>BB369743</u>	
	macOS 13+	RSTUDI0-2024.12.1-563.DMG ⊻	557.15	MB BE73D3A9	
	Ubuntu 20/Debian 11	RSTUDIO-2024.12.1-563-AMD64.DEB ⊻	203.14	MB <u>EE259A88</u>	
	Ubuntu 22/Debian 12	RSTUDI0-2024.12.1-563-AMD64.DEB ±	203.17 1	MB 710931EC	
	Ubuntu 24	RSTUDIO-2024.12.1-563-AMD64.DEB ⊻	203.17	MB 710931EC	

RStudioのインストール 6 🧏

당 RStudio セットアップ



RStudio セットアップへようこそ

セットアップは、RStudio のインストールをご案内します。

セットアップを開始する前に、他のすべてのアプリケーションを終了 することを推奨します。これによってセットアップがコンピュータを再 起動せずに、システム ファイルを更新することができるようになりま す。

「次へ」をクリックし続行します。



 \times

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。③



R.	Stud	ioのイ	ンス	トール	8

🌍 RStudio セットアップ

①ここにインストールされます。②

RStudio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。



インストール RStudio をインストール中です。お待ちください。

展開:027732726862d0c6e81f6a118079c15cb71815201096479ac8222847e77ba7d6...100%

 104411-1					~~~~
Ξ¥	- ÷. п.	±0 3	=_	1/ P	
=+	- 	$\sigma =$	÷	πu.	U -
	- III III	<u> </u>	- C. A. J.	NL 🖬	

Nullsoft Install System v3.09			
	< 戻る(<u>B</u>)	(人)>	キャンセル

RStudioのインストール 9

🌍 RStudio セットアップ



RStudio セットアップの完了

RStudio は、このコンピュータにインストールされました。 「完了」をクリックしセットアップを閉じます。



①ここにインストールされます。2

RStudio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。

- 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)



この部分の見え方はヒトそれぞれです 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。(「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。)
起動後の状態。

RStudioの起動と終了 2

R RStudio					_		×
<u>File Edit C</u> ode <u>V</u> iew <u>P</u> lots <u>S</u> ession <u>B</u> uild <u>D</u> ebug <u>P</u> rofile <u>T</u> ools <u>H</u> elp							
💽 🗸 🥘 🥣 🖌 🔚 🦲 🕐 Go to file/function 🛛 🗄 👻 Addins 👻					🔋 Pi	oject: (Nor	ne) 🔹
Console Terminal × Background Jobs ×	Environment	History	Connection	ns Tutor	ial		
	😭 🔒 🖙	Import Data	set 🔹 🚯 89	9 MiB 👻	1	List 🔹 🛛 🤅	7] •
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 👻 🐴 Gio	_{bal Environm} Env	vironmen	t is emp	Q.		
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。	Files Plots	Packages	5 Help V	Viewer	Presentation	_	
'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。	Home Home Khi: Kh	Vame story ktop.ini GA X	•		Size 11.2 KB 402 B	Modified Apr 2, 2 Oct 7, 2	(C) d 2025 2024
	 □ ■ My □ ■ Officient 	Data Source Music Pictures Videos ce のカスタ	es ムテンプレー	- ト			-

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。



3

RStudioの起動と終了 4	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
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help 	者でよくわからないうちは③Don't Saveで構いません。
Console Terminal × Background Jobs ×	Import Dataset R Global Environment Values X
 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。 Quit R Session × 	
詳しくは 'contributors() i Save workspace image to ~/.RData? 2 また、R や R のパッケージ 'citation()' と入力して → Save	Files Plots Packages Help Viewer Presentation Image:
'demo()' と入力すればデモ 'help()' とすればオンライ 'help.start()' で HTML 'q()' と入力すれば R を終	Image: Model Image: Model Image: Model Model
> x<-1 >	 ■ My Data Sources ■ My Music ■ My Pictures ■ My Videos ■ Office のカスタム テンプレート

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 I

■ 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

■ 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

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

- 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
- 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/)

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 とがあるのですが、ここでは初心者に やさし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 Ι

①Packages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。



CRANDING Sy ケージ 2 © CRANDING Sy ケージ 2 © RStudio Elle Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help O O O O O Tool Session Build Debug Profile Tools Help O O O O O Tool Session Build Debug Profile Tools Help O O O O Tool Session Build Debug Profile Tools Help O O O O O Tool Session Build Debug Profile Tools Help O O O O Tool Session Build Debug Profile Tools Help O O O O O Tool Session Build Debug Profile Tools Help O O O O O O Tool Session Build Debug Profile Tools Help O O O O O O Tool Session Build Debug Profile Tools Help O O O O O O O Tool Session Build Debug Profile Tools Help O O O O O O O O O O O O O O O O O O O	①Packages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行います。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にはまだインストールされていないと判断します。③Install。
<pre>Platform: xoo_04-wo4-mingw32/xo4 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。 ></pre>	Files Plot Packages Help Viewer Presentation

RStudio	■ てす。もしここがスクジョのように Package Archive Fileとなっている
<u>File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help</u>	合は、④をクリックして…
Console Terminal × Background Jobs × R • R 4.4.3 • ~/ ~ R version 4.4.3 (2025-02-28 ucrt) "Trophy Case" Copyright (C) 2025 The R Foundation for Statistical Platforms w26 64 win mu22 (w64	Environment History Connections Tutorial Image: Second sec
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 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す	z) V Browse
'citation()' と入力してください。 'demo()' と入力すればデモをみること 'help()' とすればオンラインヘルプが出こう。 'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられま 'q()' と入力すれば R を終了します。	Plots Packages Help Viewer Presentation stall Install Cancel Update Q. e1071 C Install Cancel Description Versi



		⑦の部分でインストールしたいパッ
CRANのパック	ケージ 7	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
RStudio		始まる候補がリストアップされている
<u>File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tr</u>	ools <u>H</u> elp	ことがわかります。目的の®e1071を
💽 🔹 🥘 🚭 📲 🔚 📄 🛛 🥕 Go to file/function	Addins •	選択して ØInstall
Console Terminal × Background Jobs ×	ā	
ℝ → R 4.4.3 · ~/ ≈	đ	😅 🕞 🖙 Import Dataset 🔹 🔌 151 MiB 🔹 🕖 📃 List 🔹 🕝 🗸
R version 4.4.3 (2025-02-28 ucrt) Copyright (C) 2025 The R Foundat Platform: x86_64-w64-mingw32/x64) "Trophy Case" ion for Statistical Computing	R • Global Environment • Q Environment is empty
 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 	Install Packages Install from: () Configuring Repo Repository (CRAN) Packages (separate multiple with space or comma): e1071	ositories
詳しくは contributors() と人力し また、R や R のパッケージを出版物です 'citation()' と入力してください。 'demo()' と入力すればデモをみること	Install to Library: C:/Program Files/R/R-4.4.3/library [Default] Install dependencies	Plots Packages Help Viewer Presentation stall ① Update ○ e1071 ○ Name Description Versi
'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 Can	

CRANのパッケージ 8

 RStudio

 File
 Edit
 Code
 View
 Plots
 Session
 Build
 Debug
 Profile
 Tools
 Help

 Addins

 Console

 Terminal × Background Jobs ×

 R

 R

 R

 R

 R

 R

 R

 R

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 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/ 依存対象 (dependency) 'proxy' もインストールします 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⑧el071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⑧el071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。

Ð

Install Name	(3)	adata					
Name		Juale			Q, e10	71	8 C
		Descrip	tion			Versi	
		Depart Probab (Forme	ment of ility The rly: E107	Statistics, ory Group '1), TU Wie	en		

インストール完了後の状態。

CRANのパッケージ 9

RStudio		- D X
<u>File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools H</u> elp		
💽 🗸 🥺 🥌 🔚 📄 🇪 Go to file/function 🛛 🔠 🖌 Addins 👻		🔋 Project: (None) 💌
Console Terminal × Background Jobs ×	Ð	Environment History Connections Tutorial
(R → R 4.4.3 · ~/ ↔	1	😅 📊 🖙 Import Dataset 🔹 🔌 157 MiB 🔹 💉 🗮 List 🔹 🗇 🗸
- Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0)	*	R 🔹 💼 Global Environment 👻 🔍
Please download and install the appropriate version of Rtoo s before proceeding:	1	Environment is empty
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 кв) downloaded 177 кв	-	
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 КВ) downloaded 658 КВ	l	Files Plots Packages Help Viewer Presentation Install Install Update Install Install <t< td=""></t<>
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	I	Probability Theory Group (Formerly: E1071), TU Wien
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\downloade _packages >	d	

CRANのパッケージ 10 RStudio File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help 🚺 🚽 🗧 🔝 📥 🗼 Go to file/function 🛛 🛛 🔠 🔹 Addins 🔹 Console Terminal × Background Jobs × Ð **R -** R 4.4.3 · ~/ 🖗 - 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/ 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

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ければ 問題ありません。②でもインストール 完了したel07lが③Name列に表示され ており、④そのバージョンは1.7-16だ とわかります。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バージョン情報も忘れずに記載する ようにしましょう。 Present Files Packages Help Viewer Jodate Q. e107 Name Description Versi. Misc Functions of the 1.7-16 🕀 🚳 e1071 Department of Statistics, Probability Theory Group (Formerly: E1071), TU Wien

N. 61		インストール完了後の状態。赤枠の①
	$N \sigma \beta h F = \beta 1$	Console画面内をざっと眺めて、エ
UK P	ND/Nックーン II	ラーメッセージっぽいものがなければ
V R CRAN: Packa	lge e1071 × +	問題ありません。②でもインストール
< → C ⋒	cran.r-project.org/web/packages/e1071/index.html	完了したel07lが③Name列に表示され
e1071: Misc Func	tions of the Department of Statistics, Probability Theory Group (Formerly:	ており、④そのバージョンは1.7-16だ
Functions for late clustering, naive	ent class analysis, short time Fourier transform, fuzzy clustering, support vec Bayes classifier, generalized k-nearest neighbour	解析を行った結果をまとめる際には、
Version:	1.7-16	④バージョン情報も忘れずに記載する
Imports:	graphics, g.Devices, <u>class</u> , stats, methods, utils, <u>proxy</u>	
Suggests:	<u>cluster, mlbench, nnet, randomForest, rpart, SparseM, xtable, Matrix, MA</u>	UKLです。 (6)ハーションは、 確かに
Published:	2024-09-16	1.7-16であることが分かります。
DOI:	<u>10.32614/CRAN.package.e1071</u>	
Author:	David Meyer 💿 [aut, cre], Evgenia Dimitriadou [aut, cph], Kurt Hornik (Chih-Chung Chang [ctb, cph] (libsvm C++-code), Chih-Chen Lin [ctb, cpl	[aut], Andreas Weingessel [aut], Friedrich Leisch [aut], h] (libsvm C++-code)
Maintainer:	David Meyer <david.meyer at="" r-project.org=""></david.meyer>	
License:	<u>GPL-2 GPL-3</u>	
NeedsCompilatio	on: yes	
Materials:	NEWS	
In views:	Cluster, Distributions, Environmetrics, MachineLearning, Psychometrics	
CRAN checks:	e1071 results	
Documentation:		
Reference manu	al: <u>e1071.pdf</u>	
Vignettes:	<u>Support Vector Machines—the Interface to libsvm in package e1071 (sou</u> <u>svm() internals (source)</u>	rce, <u>R code</u>)
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)

https://bioconductor.org/

	次に、①Bioconductorで提供されてい
Bioconductorの… 2	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
■ Bioconductor - Home x +	す。②Menuをクリック。プルダウンメ
$\leftarrow \rightarrow$ C (a) \square https://bioconductor.org	
Registration and Abstract Submission Open for <u>GBCC2025</u> : Joint Galaxy/Bioconductor Conference Early registration discount pricing ends March 31!	
Bioconductor Open source software for bioinformatics	Menu 🗙
About	
Learn	
Packages 3	
Developers	
Q Search	
Get Started	
איפ וטגופו מוז וווכוטגועפ מוט כטונמטטומנועפ כטוווווטווונץ טו טפעפוטאפוג מוט טמנמ	ระเษาแรเร.
Get started >	

	④下にスクロールすると…
Bioconductorの… 3	
D Bioconductor - BiocViews × +	- • ×
← C බ ⊡ https://bioconductor.org/packages/release/BiocViews.html#Software	A [™] ☆ 😍 … 🗉
Registration and Abstract Submission Open for	
Bioconductor open source software for bioinformatics	Menu 🗮
Home > BiocViews	
Bioconductor version 3.20 (Release)	
Go to 3.21 (Devel) >	
Find biocViews:	
Software (2269)	
► AssayDomain (900)	
► BiologicalQuestion (970)	
► Infrastructure (577)	

.

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 Bioconductorの… 検索機能(Ctrl + F)を表示して… Х Bioconductor - BiocViews × +٠ C ി https://bioconductor.org/packages/release/BiocViews.html#___Software ... 5 $\nabla \times$ Menu — Bioconductor **Packages found under Software:** Rank based on number of downloads: lower numbers are more frequently downloaded. Show All v entries Search table: Maintainer Title Rank Package Set the appropriate version of Bioconductor packages **BiocVersion Bioconductor Package** 1 Maintainer 2 BiocGenerics Hervé Pagès S4 generic functions used in Bioconductor GenomeInfoDb Hervé Pagès Utilities for manipulating chromosome names, including 3 modifying them to follow a particular naming style S4Vectors Hervé Pagès Foundation of vector-like and list-like containers in 4 Bioconductor **Bioconductor Package** 5 zlibbioc An R packaged zlib-1.2.5 Maintainer

N. 4			④下に	スクロ	ールすると、パッケージ
Biocon	ductor	の… 5	リストな検索機能	があり 能(Ct	ます。⑤WEBブラウザの trl + F)を表示して、⑥
Bioconductor - BiocViews ×	+		Biostri	ngsを	:検索し、見つけたら⑦ク
← C ⋒ ⊡ https://biocom	nductor.org/packages/release/Bioc\	/iews.html#Software	リック。)	
Bioconductor OPEN SOURCE SOFTWARE FOR BIOINFORMATICS		Biostrings 6 1/3 ^ ~	Y X	Menu 📃	•
	wannann e i				
IRanges	Hervé Pagès	Foundation of integer range manipulation in	Bioconductor	6	
XVector	Hervé Pagès	Foundation of external vector representation manipulation in Bioconductor	and	7	
<u>Biobase</u>	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 genomi	c intervals	10	_
<u>DelayedArray</u>	Hervé Pagès	A unified framework for working transparent and in-memory array-like datasets	y with on-disk	11	
BiocParallel	Martin Morgan	Bioconductor facilities for parallel evaluation	I	12	
<u>MatrixGenerics</u>	Peter Hickey	S4 Generic Summary Statistic Functions tha Matrix-Like Objects	t Operate on	13	
<u>S4Arrays</u>	Hervé Pagès	Foundation of array-like containers in Biocor	nductor	14	•

	1 Dioconductor
Bioconductorの… 6	103(2)01051111
Bioconductor - Biostrings × +	- 0 ×
← C A ttps://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/Biostrings.html	A* 12 🔮 … 🖬
Registration and Abstract Submission Open for <u>GBCC2025</u> : Joint Galaxy/Bioconductor Conference Early registration discount pricing ends March 31!	Î
DEEN 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 <u>Biostrings</u> .	
Efficient manipulation of biological strings	
platforms all rank 9 / 2289 support 5 / 5 in Bioc > 20 years build warnings updated since release dependence of the second secon	ndencies 24
Bioconductor version: Release (3.20)	
Memory efficient string containers, string matching algorithms, and other utilities, for fast manipulation of large of sequences.	biological sequences or sets
Author: Hervé Pagès [aut, cre], Patrick Aboyoun [aut], Robert Gentleman [aut], Saikat DebRoy [aut], Vince Carey [ctb], Felix Ernst [ctb], Wolfgang Huber [ctb] ('matchprobes' vignette), Beryl Kanali [ctb] (Converted 'MultipleAlig	[ctb], Nicolas Delhomme nments' vignette from Sweave

①Bioconductorのリリース3.20に含まれる②Biostringsのページ。

Bioconductorの… 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)
```



```
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

①Bioconductorのリリース3.20に含ま れる②Biostringsのページ。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(つまり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、⑤ Installをクリックして、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。

P

Bioconductorの… 13

Bioconductor - Biostrings

- C

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

 \times +

ി

Author: Hervé Pagès [aut, cre], Patrick Aboyoun [aut], Robert Gentleman [aut], Saikat DebRoy [aut], Vince Carey

[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, <u>https://bioconductor.org/packages/Biostrings</u>.

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

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。④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 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…

Bioconductorの・

Bioconductor - Biostrings

C

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

×

ി

Author: Hervé Pagès [aut, cre], Patrick Aboyoun [aut], Robert Gentleman [aut], Saikat DebRoy [aut], Vince Carey [ctb], Felix Ernst [ctb], Wolfgang Huber [ctb] ('matchprobes' vignette), Beryl Kanali [ctb] (Converted 'MultipleAlign to RMarkdown), Haleema Khan [ctb] (Converted 'matchprobes' vignette from Sweave to RMarkdown), Aidan Laksl

[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:

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。④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 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の… 15	ページ [・] もう少
(R RStudio	です。
	<u>File Edit C</u> ode <u>V</u> iew <u>P</u> lots <u>S</u> ession <u>B</u> uild <u>D</u> ebug <u>P</u> rofile <u>T</u> ools <u>H</u> elp	インス
	O to file/function B Addins Addins Control Contro Contro Control Contr	L76
	Console Terminal × Background Jobs ×	とがわ
	<pre>R+R443 パタ タワンロードされたバッケージは、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 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)</pre>	ろは、 ろは、 ピーし ペース
	Please download and install the appropriate version of Rtool s before proceeding:	
	<mark>https://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/</mark> Warning in install.packages : パッケージ 'Biostrings' が利用できません (for this version of R	Files Plots Pac
	A version of this package for your version of R might be ava ilable elsewhere, see the ideas at https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.htm l#Installing-packages)	

DBioconductor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。④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 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。

```
    Files
    Plots
    Packages
    Help
    Viewer
    Presentation

    Install
    Install
    Update
    Biostrings
    Image: Comparison

    Name
    Description
    Versi...
```

Bioconductorの… 16 File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help 0 - Addins to file/function Ctrl+F9 Back Со P Forward Ctrl+F10 G 2 「一ジは、以下にあります Undo Ctrl+Z \ppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloaded Ctrl+Shift+Z Redo iostrings") > Cut Ctrl+X equired to build R packages but no versi W/) le with the currently running version o 10 Ctrl+C Copy f that the following incompatible version Ctrl+V Paste bund: dent Ctrl+Shift+V Paste with Select All Ctrl+A illed at C:\RBuildTools\4.0) **Folding** > install the appropriate version of Rtool P s Find in Files... Ctrl+Shift+F com/bin/windows/Rtools/ ht ackages : Wa Clear Console Ctrl+L Biostrings' が利用できません (for this version of ハッケーン R A version of this package for your version of R might be ava ilable elsewhere. see the ideas at https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.htm l#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。④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 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。⑧ Edit、⑨Paste。

iles	Plots	Packages	Help	Viewer	Preser	ntation	
ol In	stall 💿	Update			Q, Bio	strings	8 C
	Name	Descript	tion			Versi	

Bioconductorの… 17	
R RStudio	
<u>F</u> ile <u>E</u> dit <u>C</u> ode <u>V</u> iew <u>P</u> lots <u>S</u> ession <u>B</u> uild <u>D</u> ebug <u>P</u> rofile <u>T</u> ools <u>H</u> elp	
💁 🗸 🧐 🚰 🗸 📄 🔚 📄 📝 🍌 Go to file/function 🔄 🗄 👻 Addins 👻	
Console Terminal × Background Jobs × R • R4.3 · ~/ > install.packages("Biostrings") 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:	1
- Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0) Please download and install the appropriate version of Rtool s before proceeding:	
<mark>https://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/</mark> 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 ava ilable elsewhere, see the ideas at https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.htm l#Installing-packages) > if (!require("BiocManager", quietly = TRUE)) install.packages("BiocManager")	

DBioconductor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。④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 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。⑧ dit、⑨Paste。⑩こんな感じになる ので、リターンキーを押して実行。

Install 💽 Update Q. Biostrings 🕲	Jpdate Q Biostrings & Description Versi		11003	Packages	Help	Viewer	Preser	ntation	
Name Description Veri	Description Versi	Insta	II 🛛 💽	Update			Q, Bio	strings	8
Name Description Versi		Na	me	Descript	tion			Versi	
Bioconductorの… 18

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 ava ilable elsewhere,

see the ideas at
https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.htm
l#Installing-packages)

```
> if (!require("BiocManager", quietly = TRUE))
```

```
install.packages("BiocManager")
```

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/

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。④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 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。⑧ Edit、 @Paste。 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。

P

Install 🔘 Up	readyes melp m	wer	Presen	tation	-
	pdate	C	Bios	strings	8
Name	Description			Versi	

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…



```
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
    Bioconductorの… 20
                                                                   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 -
                                                                                             🔻 Project: (None) 💌
 Console Terminal × Background Jobs ×
                                                                  Environment History Connections Tutorial
                                                              P
                                                                                                   R - R 4.4.3 · ~/ 🗇
                                                             \odot \mathscr{A}
                                                                                              ≣ List • 🛛 📿 •
                                                                  🕣 📊 📑 Import Dataset 🔹 💊 138 MiB 👻 🔏
 3 MB)
                                                                  R 🝷 🛑 Global Environment 🝷
                                                                                           Q.
 downloaded 12.3 MB
* installing *source* package 'GenomeInfoDbData' ...
                                                                             Environment is empty
 ** 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
                                                                  Files
                                                                      Plots
                                                                          Packages
                                                                                Help
                                                                                    Viewer
                                                                                          Presentation
                                                                                                   ** testing if installed package keeps a record of temporary
                                                                  O Install
                                                                                                  8 | C
                                                                        O Update
                                                                                         Q Biostrings
 installation path
                                                                     Name
                                                                            Description
                                                                                             Versi...
* 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\downloade
 d packages'
Old packages: 'cluster', 'foreign', 'MASS', 'Matrix',
   'nlme'
Upda all/some/none? [a/s/n]:
```

	途中
Bioconductorの… 21	か?」 の実
RStudio	nと打
<u>File Edit C</u> ode <u>V</u> iew <u>P</u> lots <u>S</u> ession <u>B</u> uild <u>D</u> ebug <u>P</u> rofile <u>T</u> ools <u>H</u> elp	<u>(3)の</u>
• • 🥸 🗁 • 🕞 📄 🧼 Go to file/function 🛛 🗒 ▪ Addins ▼	マン
Console Terminal × Background Jobs ×	71
downloaded 12.3 MB	
<pre>* installing *source* package 'GenomeInfoDbData' ** using staged installation ** data ** inst</pre>	ーロー/ 「nと して
<pre>** 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 temporary</pre>	
** testing if installed package can be loaded from final loc	
<pre>** testing if installed package keeps a record of temporary installation path * DONE (GenomeInfoDbData)</pre>	Files Plots Install Name
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\downloade d packages'	
Old packages: 'cluster', 'foreign', 'MASS', 'Matrix', 'nlme'	
Update all/some/none? [a/s/n]:	

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 ト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。

iles	Plots	Pa	ckages	Help	Viewer	Prese	entation	
lns 🛛	tall 💽) Up	date			Q, Bio	ostrings	86
N	lame		Descrip	tion			Versi	

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。



```
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
   Bioconductorの… 23
                                                                  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
RStudio
                                                                  を確認できます。ここまでできれば、
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
👽 🗸 🔍 🚰 🗸 🔚 📑 🧼 📥 🔺 Go to file/function 👘 🔡 🔹 Addins 👻
                                                                  基本的に終了でよいです。
                                                             P
 Console Terminal × Background Jobs ×
 R - R 4.4.3 · ~/ @
                                                                 😅 📊 📑 Import Dataset 🔹 🔕 138 MiB 🔹 🗹 📃 List 🔹 📿 🗸
 downloaded 12.3 MB
                                                                 R 🝷 🛑 Global Environment 🝷
                                                                                         0
* installing *source* package 'GenomeInfoDbData' ...
** using staged installation
                                                                           Environment is empty
** 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
                                                                 Files
                                                                    Plots
                                                                        Packages
                                                                              Help
                                                                                  Viewer
                                                                                       Presentation
                                                                                                 \neg \Box
installation path
                                                                 O Install
                                                                                       Q Biostrings
                                                                      O Update
                                                                                                \odot
* DONE (GenomeInfoDbData)
                                                                   Name
                                                                          Description
                                                                                           Versi.
                                                                          Efficient manipulation of
                                                                                           2.74.1 🕀 💿
                                                                   Biostrinas
ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
                                                                          biological strings
         'C:\Users\iu\AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloade
d packages'
Old packages: 'cluster', 'foreign', 'MASS', 'Matrix',
   'nlme'
Update all/some/none? [a/s/n]:
n
>
```

```
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、
    Bioconductorの… 24
                                                                      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 ×
                                                                     invironment History Connections Tutorial
                                                                 P
                                                                                                       📊 📑 Import Dataset 👻 🌖 138 MiB 👻 🔏
                                                                                                  🗏 List 🖌 📿 🗸
 🗣 • R 4.4.3 · ~/ 🖗
 downloaded 12.3 MB
                                                                        Global Environment •
                                                                                               0
* installing *source* package 'GenomeInfoDbData' ...
 ** using staged installation
                                                                                Environment is empty
** 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
                                                                     Files
                                                                         Plots
                                                                             Packages
                                                                                    Help
                                                                                        Viewer
                                                                                             Presentation
                                                                                                       installation path
                                                                                                      8 | C
                                                                     🔘 Install 🛛 💽 Update
                                                                                             Q Biostrings
* DONE (GenomeInfoDbData)
                                                                        Name
                                                                               Description
                                                                                                 Versi...
                                                                     Biostrings
                                                                                                 2.74.1 🕀 💿
                                                                               Efficient manipulation of
 ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
                                                                               biological strings
         'C:\Users\iu\AppData\Local\Temp\RtmpoN1Lv7\downloade
 d packages'
Old packages: 'cluster', 'foreign', 'MASS', 'Matrix',
   'nlme'
Update all/some/none? [a/s/n]:
n
 >
```

参考	小技とし	て、①	のあた	りに見え	えている
25	「ほうき ②Conso	マーク le画面を	」をク とクリア	リックで ?するこ	すると、 とがで
	きます。	実行後	0		
			R	Project: (None) 💌	
	Environment Histor	y Connections ataset • 138 nment •	Tutorial MiB • 2	List • C •	
	Files Plots Package Install Image Update Name De Biostrings Efficient	ges Help Vie scription icient manipulatio ological strings	wer Presentation	on gs ② ③ rsi 74.1 ⊕ ⊗	
	参考 2.5	参考 25 とし 「ほうき ②Consol きます。 Files Plots Package 「Istall ① Update Name De Biostrings Eff bio	参考 2.5 ・技として、① 「ほうきマーク ②Console画面名 きます。実行後 ・ ● Import Dataset • ● 138 R • ● Global Environment • Environment i Files Plots Packages Help Vie Name Description Biostrings Efficient manipulatio biological strings	まます。実行後。	まます。実行後。 Files Plots Packages Help Viewer Presentation Files Plots Plots Plots Files Plots Plots Plots Files Plo

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 26 Bioconductorの… 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。 RStudio File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help O - OR 🕣 🚽 🔒 😓 🔺 🔶 Go to file/function Addins • 🔋 Project: (None) 💌 Connections Console Terminal × Background Jobs × A Environment History Tutorial 🗣 🗸 R 4.4.3 · ~/ 🖗 🚰 📊 🛛 📑 To Console 🛛 🔤 To Source Θ > q() q() x <- 1 q() x<-1] demo() install.packages("e1071") × Confirm Clear History install.packages("Biostrings") if (!require("BiocManager", quiet... Are you sure you want to clear all history entries? install.packages("BiocManager") BiocManager::install("Biostrings") はい(Y) いいえ(N) Files Plots Packages Help Viewer Presentation $\neg \Box$ O Install O Update 0 C Q Biostrings Name Description Versi... 2.74.1 🕀 🔿 Biostrings Efficient manipulation of biological strings

Bioconductorの… 2	2 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
RStudio	クすると、履歴情報をクリアできます。
<u>File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools H</u> elp	実行後。
• • • • • • • • • • • • • • • • • • •	
Console Terminal × Background Jobs × R • R 4.4.3 · ~/ A	Environment History Connections Tutorial
	Files Plots Packages Help Viewer Presentation Install Update Install Biostrings Image: Comparison of the second secon

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…

🔲 🧟 CRAN: Package MBCluster.Seq 🗙 -

C 🙃 https://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 <u>archive</u>.

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 resul

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





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

Ð

	最後に、.tar.gzという拡張子のつい
tar. azファイルの… ?	た、Rパッケージの圧縮ファイルをダ ウンロードレスセルスからインストー
Index of /src/contrib/Archive/MBC x +	ルするやり方を示します。ここでは、
← C û https://cran.r-project.org/src/contrib/Archive/MBCluster.Seq/ a& ⊕	①現在は削除されているものの、②
Index of /src/contrib/Archive/MBClu	MBCluster.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
Name Last modified Size Description	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
Parent Directory - MBCluster.Seq 1.0.tar.gz 2012-10-29 08:57 29K	(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
Apache Server at	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。

Image: Studio File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help Image: Session Build Debug P	3	①Packagesタブで、②MBCluster.Seq と打ち込んで、赤枠内に何も表示され ない(つまり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をクリックして、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。
		Files Plot Packages Help Viewer Presentation

tar.gz7	ァイルの	の・・・ 4	①Pack と打ち ない(agesタ 込んで つまの とを確	ブで、赤イシン	、②MBClus 枠内に何も ストールさ ています。	ster.Seq 表示され れてな 今のため
<u>File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile</u>	<u>T</u> ools <u>H</u> elp		3 Inst	c と me allを /	7 w	21.7	オキモン
• • 🚳 🚭 • 🔒 🔂 🥌 🥕 Go to file/function	Addins •		OCPAN	いこと ノ からけ	, , , , , , , , ,	フトール7	*キ かい ?
Console Terminal × Background Jobs × Image: R 4.4.3 · ~/ >			して⑤ されな Instal	からは 認しま MBClus いので I。	ィン す。(ter. 予想	④CRANでは Seqがリス がつきます	、候補と トアップ ⁻ が、⑥
	Install Packages Install from: Repository (CRAN) Packages (separate multine with MBCluster.Seq Install to Library: C:/Program Files/R/R-4.4.3/lib Install dependencies	Configuring Repositorie	es Plots Pa stall Up Name	ckages Help odate Description	Viewer	Presentation	2

```
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
    .tar.gzファイルの・
                                                                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
RStudio
                                                                いことがわかります。
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
👽 🗸 🐼 🖌 🔚 📑 🛑 🛛 🥕 Go to file/function
                              Addins -
                                                                           Connections Tutorial
 Console Terminal × Background Jobs ×
                                                               Environment History
                                                                                              -\Box
 R + R443 · ~/ @
                                                               🕣 📊 🛛 🐺 To Console 🛛 💷 To Source 🛛 🧕 💉 🔍
> install.packages("MBCluster.Seg")
                                                               install.packages("MBCluster.Seq")
WARNING: Rtools is required to build Tpackages but no versio
n 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
                                                              les Plots
                                                                       Packages
                                                                             Help
                                                                                Viewer
                                                                                     Presentation
                                                                                              of R
                                                               O Install
                                                                     O
                                                                                     Q. MBCluster.Seg
                                                                       Update
                                                                  Name
                                                                         Description
                                                                                         Versi...
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)
>
```





	. ta	I r.gzフ ァ	イルの	ワ・・・	8	 ①のコ 「利用 に、3 パック 	マでリー	ンきロジ	がせドイ	実行されました ん」からもわた してもMBClust	とが、② かるよう er.Seq
RStuc	lio	Plate Contine Duild Debug Duffle Te						ンリ	1		
	Code <u>v</u> iew	Plots Session Build Debug Profile Tot	• Addins •			いこと	. の 、	わり	NY NY	ます。もう」度	(4)
Console	Terminal ×	Background Jobs ×		A		Insta	0	(5)	てい	クリックすると	、 ⑥ か
R • R	4.4.3 · ~/ 🗇					見られ	る	のて	<u> </u>	ちらに切り替え	えると、
> 11 WARN	R Select P	Package Archive				赤枠の)よ	うな	;状	態になって.to	r.gz
n of	$\leftarrow \rightarrow$			~ C K	(+1)	ファイ	ル	を遅	髩択	できる状態にな	なります。
01 1	整理 ▼	新しいフォルダー				≡	•		•		
-		名前	更新日時	種類		サイズ					
Plea		THE MEGA X	2021/03/26 15:22	ファイル フォルダー							
рето		🛃 My Data Sources	2025/01/29 11:57	ファイル フォルダー							
http	× 🔷 .	📒 Office のカスタム テンプレート	2024/03/12 11:02	ファイル フォルダー							
/1	> 🚞	📒 Outlook ファイル	2025/03/06 22:16	ファイル フォルダー						wer Presentation	
of F	> 📒	a Zoom	2024/06/04 18:46	ファイル フォルダー						Q MBCluster.Seq 🕲 🕝	
A ve	> 🚞	Rhistory	2025/04/02 18:14	RHISTORY ファイル	,	11 KB					
lab see	> 💼										
http		ファイル名(<u>N</u>):		~	All Fil	es (*.*)			~		
#Ins >				(O	pen	+ †	ンセル			
									-13	J	

	. †a	r.gzファイ	ルの…	. q	①のコマ 「利用で に、③り	ンドが きませ ロード	実行されました ん」からもわた してもMBClust	たが、② かるよう rer.Seq
RStud	lio				パッケー	ジがイ	ンストールされ	れていな
<u>F</u> ile <u>E</u> dit	<u>C</u> ode <u>V</u> iew	<u>Plots</u> <u>Session</u> <u>Build</u> <u>Debug</u> <u>Profile</u> <u>Tools</u> <u>H</u> elp			いことが	わかり	ます。もう 度	4
Console	Terminal -	Background lobe		-	Install。	5でク	フリックすると	、 6か
QR + R	4.4.3 · ~/ @				見られる	のでこ	ちらに切り替え	えると、
> ir WARN	R Select Pa	ackage Archive			赤枠のよ	うな状態	態になって.to	ır.gz
n of	$\leftarrow \rightarrow$		~ C	ダウン	ファイル ダウンロ	を選択 [・] ード済	できる状態にな みの⑧.tar.gz	よります。 ファイ
01 1	整理 ▼	新しいフォルダー			ルを選択	して、	90pen。	
-	>	名前	更新日時	種類	サイズ	1		
Plea befo http Warr /\ of F		〜今日 MBCluster.Seq_1.0.tar.gz	2025/04/02 23:10	圧縮アーカイ	(ブフォル 3	o KB	ver Presentation	
A ve lab see httµ #Ins >		>+ ファイル名(<u>N</u>):			9 **) Ipen ▼	~ ンセル :		

こんな感じになって、先ほど指定した ・tor.gzファイルの完全パス情報が ここに表示されます。②Install。



	こんな感じになって、先ほど指定した
.tar.gzファイルの…II	①.tar.gzファイルの完全パス情報が ここに表示されます。②Install。さ
RStudio	<mark>_ きほどまでの作業は、③のコマンド入</mark>
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help <lu> </lu> <	カに相当します。
<pre>Console Terminal × Background Jobs ×</pre>	Environment History Connections Tutorial
- Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0) Please download and install the appropriate version of Rtool s before proceeding:	Files Plots Packages Help Viewer Presentation Install Install Update MBCluster.Seq Image: Comparison of the second secon
<pre>* 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</pre>	

	こんな感じになって、先ほど指定した
tar azファイルの・・・12	①.tar.gzファイルの完全パス情報が
• I UI • 9 Z / / I / V V / I Z R Studio	ここに表示されます。②Install。さ きほどまでの作業は、③のコマンド
Eile Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help Image: Im	カに相当します。④のあたりの successfullyという単語や、⑤で
<pre> R • R44.3 · ~/ - Rtools 4.0 (installed at C:\RBuildTools\4.0) Please download and install the appropriate version of Rtool </pre>	MBCluster.Seqパッケージが見られる ことからもインストール成功と判断 ⁻ きます。
<pre>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</pre>	
<pre>** 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</pre>	Files Plots Packages Help Viewer Presentation Install Update MBCluster.Seq Model-Based Clustering for MBCluster Model-Based Clustering for MBCluster Model-Based Clustering for I.0 MBCluster Model-Based Clustering for I.0 MBCluster Model-Based Clustering for I.0 Image: Second S
<pre>* DONE (MBCluster.Seq) > </pre>	