

2023.06.14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。このスライドはMacOS Ventura Ver.13.3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る可能性があるのでご注意ください。この資料ではGoogle Chromeを使っています。我々はWindowsユーザですので間違いはあるかもしれません。

R本体とパッケージのインストール Macintosh版

東京大学・大学院農学生命科学研究科
アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム
<https://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/>

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

Contents

- 事前準備: 古いR本体とパッケージ群の削除(任意)
- R本体のインストール
- Macintosh環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- Macintosh環境設定(隠しファイルも表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- 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

Google appcleaner

約 1,030,000 件 (0.34 秒)

FreeMacSoft
https://freemacsoft.net/appcleaner - このページを訳す

AppCleaner

AppCleaner is a small application which allows you to thoroughly uninstall unwanted apps. Installing an application distributes many files throughout your ...

ワードプレステーマTCD
https://tcd-theme.com/2020/12/app-cleaner

【Mac】AppCleanerを使って不要なアプリをアンインストールする

2020/12/07 — 当記事では、アプリの関連ファイルを自動でアンインストールしてくれる無料アプリケーション「AppCleaner」を紹介しますので、アプリの削除方法でお困りの ...

ソフトニック
https://appcleaner.softonic.jp/mac

AppCleaner for Mac - 無料・ダウンロード - ソフトニック

2023/02/02 — AppCleanerとは、不要なアプリを完全にアンインストールできるソフトウェアです。アプリ本体だけでなく、設定ファイルなどの関連ファイルも削除でき ...

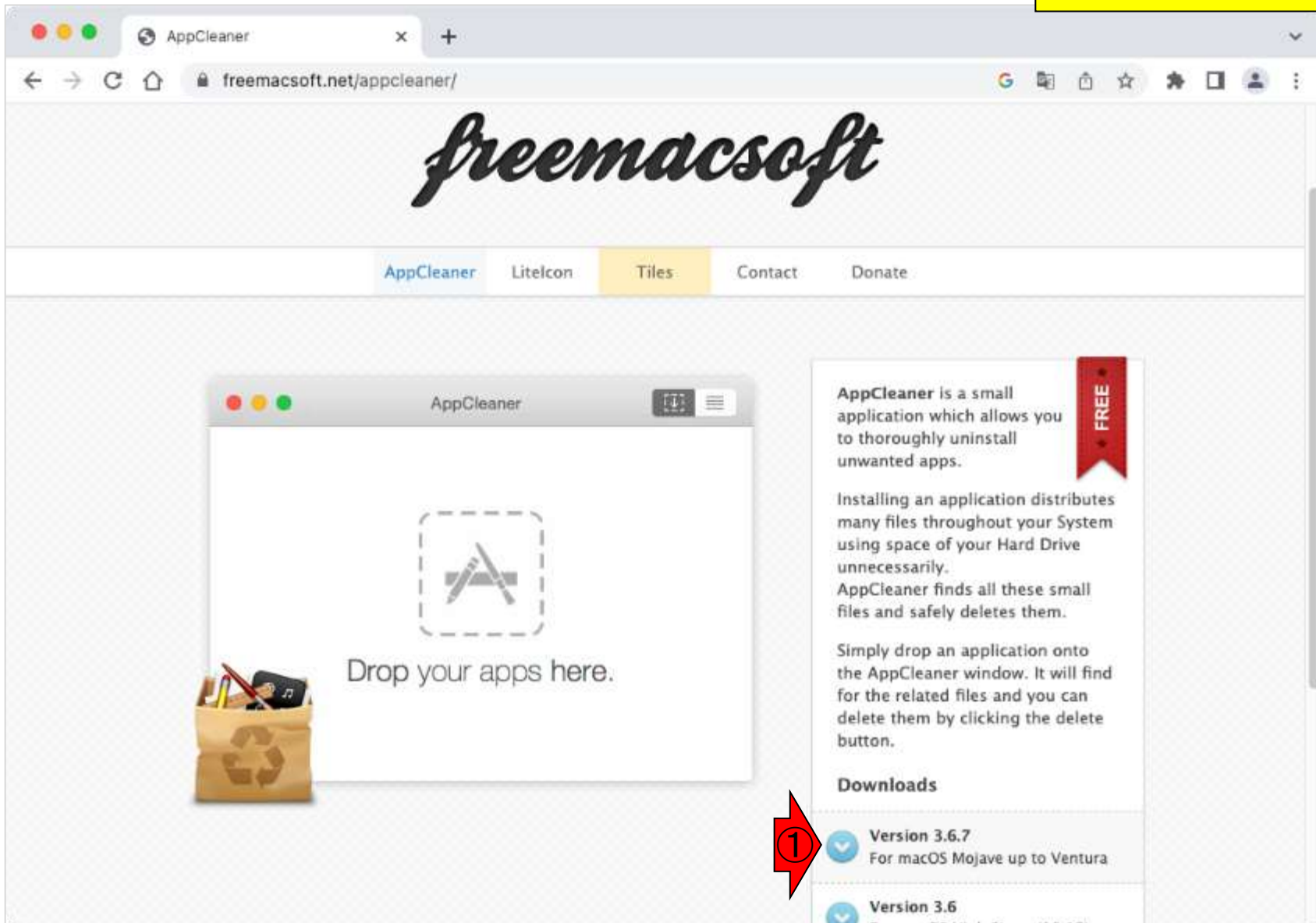
★★★★☆ 評価: 7/10 · 876 票 · 無料 · Mac OS · ユーティリティ/ツール

全て自己責任のもとでということにはなりません。現在進行中の論文でバージョンを変更したくない場合などを除き、(たとえ以前インストールしたR本体のバージョンがそれほど古くなくても) **R関連のものを全てアンインストールし、真っさらな状態にします。**

しかしMac版のRにはアンインストーラーがありません。そもそもMacではアプリケーションをアンインストールする際にはアプリケーションフォルダから.appファイルを削除するだけでも良いようですが、専用ツールを使用すると便利なようです。ここではそのような専用ツールとして、① AppCleanerを検索します。

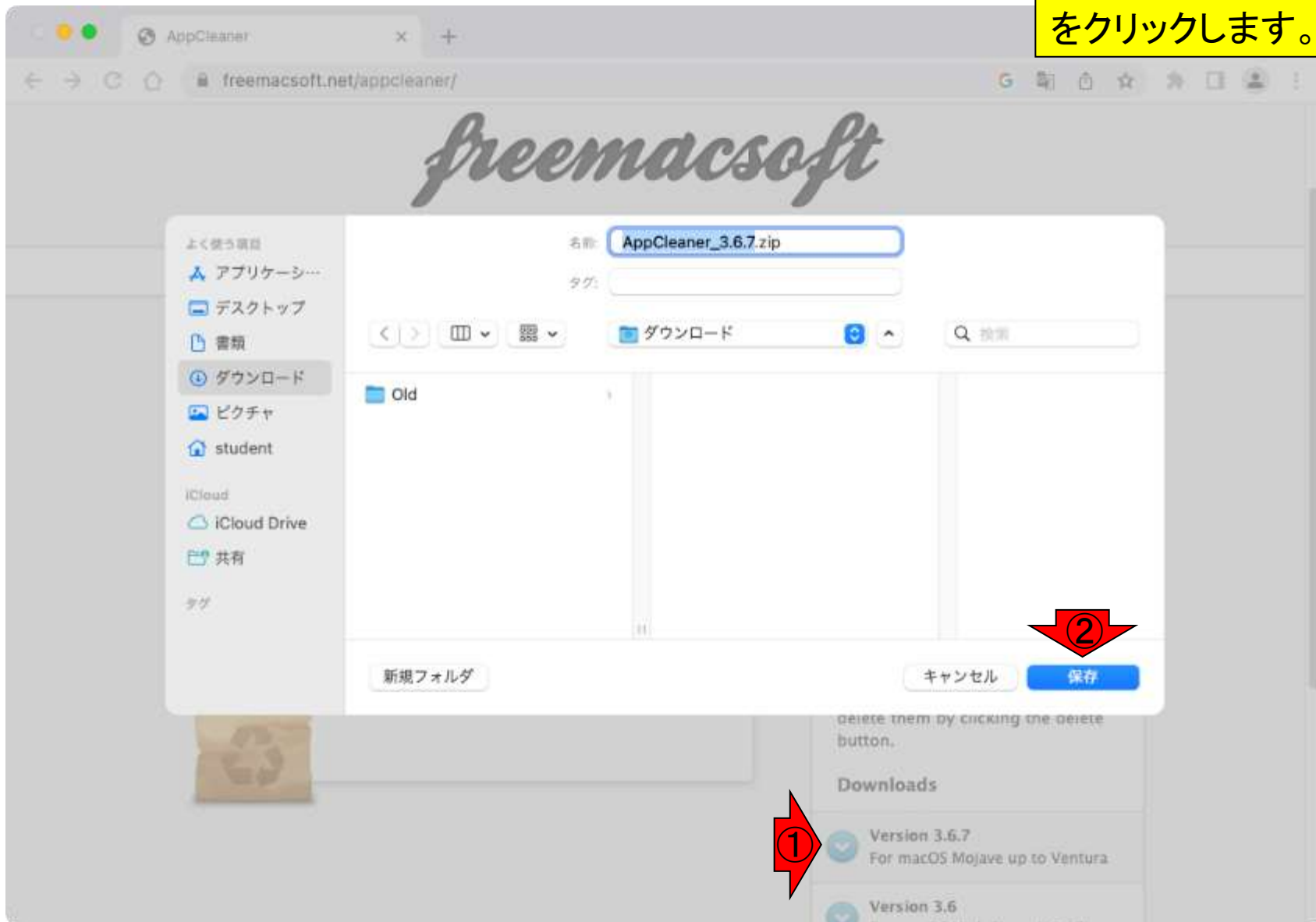
事前準備

①使用しているOSに合っていることを確認し、最新バージョンをクリック。



事前準備

①使用しているOSに合った最新バージョンをクリック。ダウンロードされる場所を確認し、②保存ボタンをクリックします。



事前準備

①ダウンロードフォルダにダウンロードした②zip
ファイルをダブルクリック(自動解凍)します。



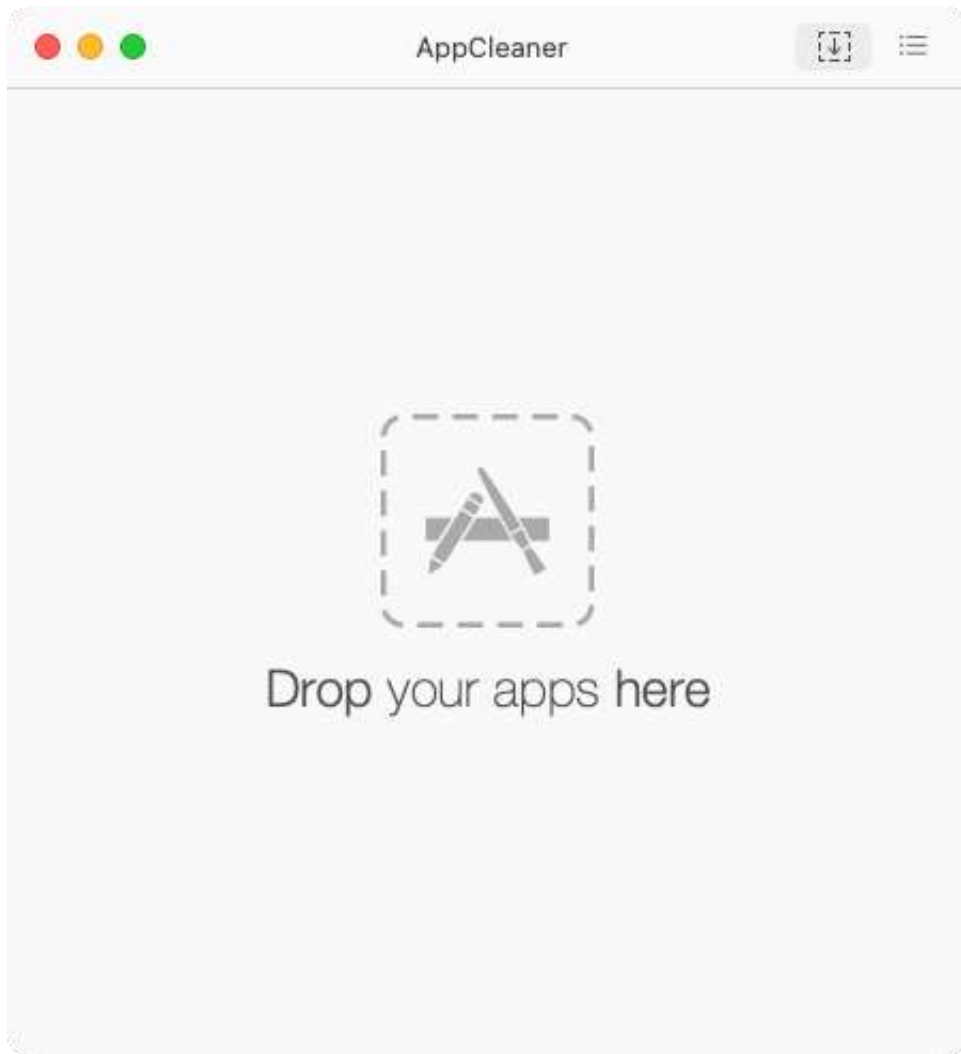
事前準備



①ダウンロードフォルダにダウンロードした②zipファイルをダブルクリック(自動解凍)します。③AppCleaner.appができたので、これをダブルクリックします。すると、アプリケーションを起動してもよいか、確認メッセージが表示されるので、④開くをクリックします。⑤アップデートを自動的に確認するかどうかの確認画面が表示されたら、好みにどちらかを選びます。

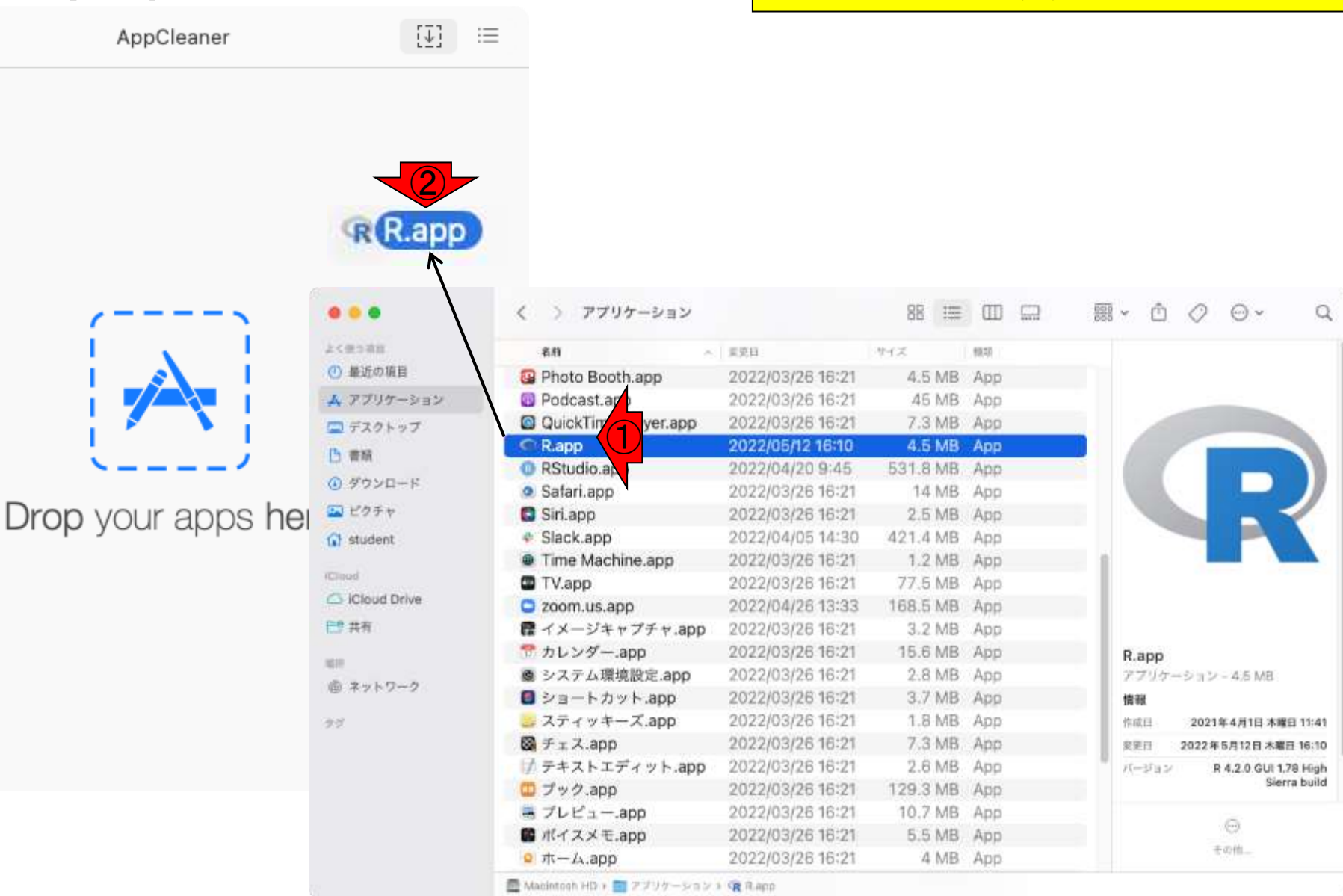


事前準備



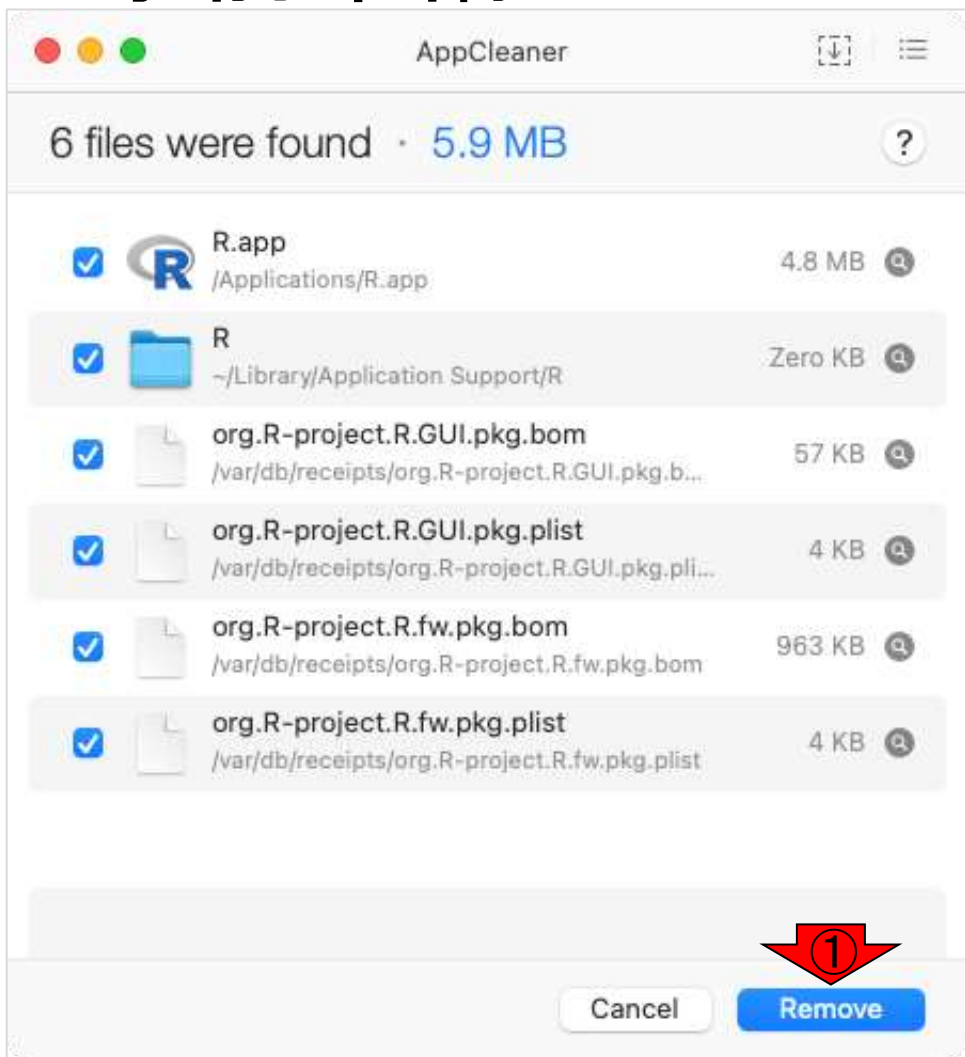
事前準備

削除したいアプリケーション①R.appを
②AppCleanerのウィンドウ内にドラッグ
&ドロップします。

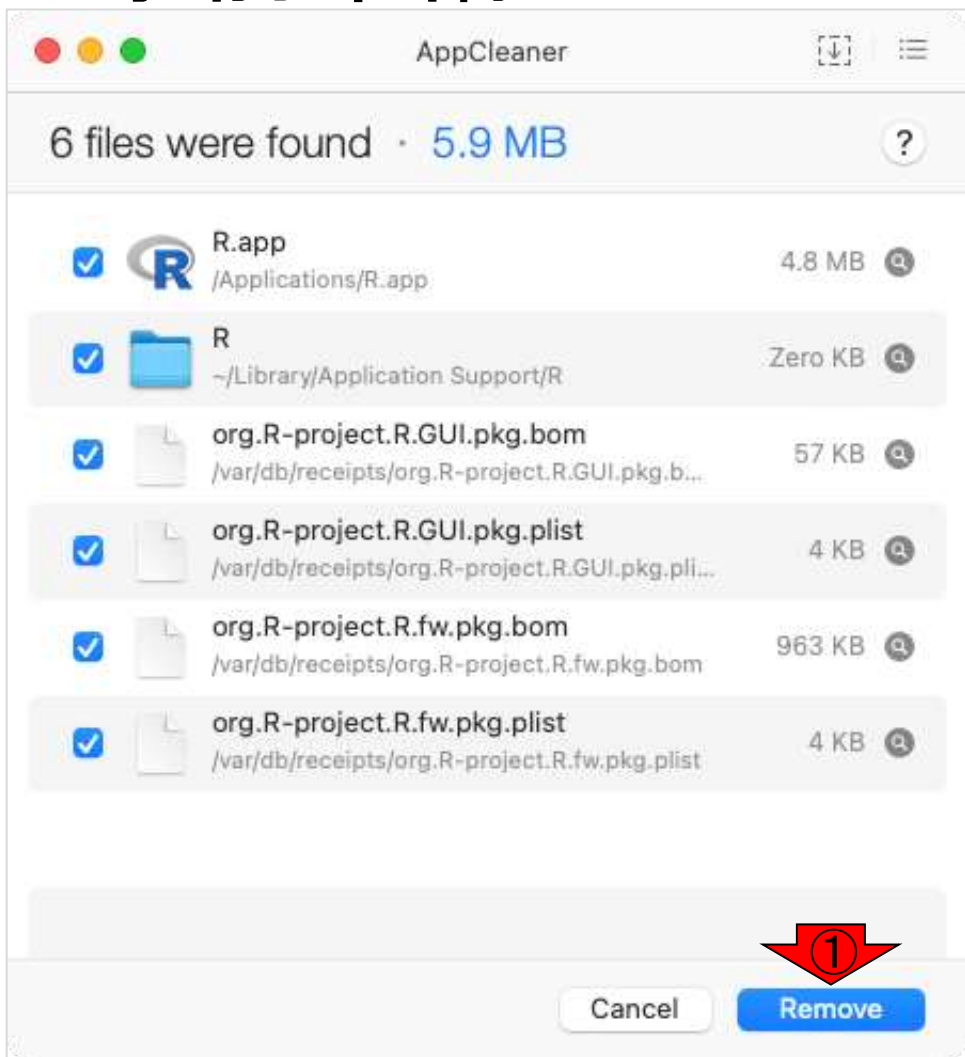


事前準備

AppCleanerが削除する候補を自動的にリストアップします。①Removeボタンをクリックします。



事前準備

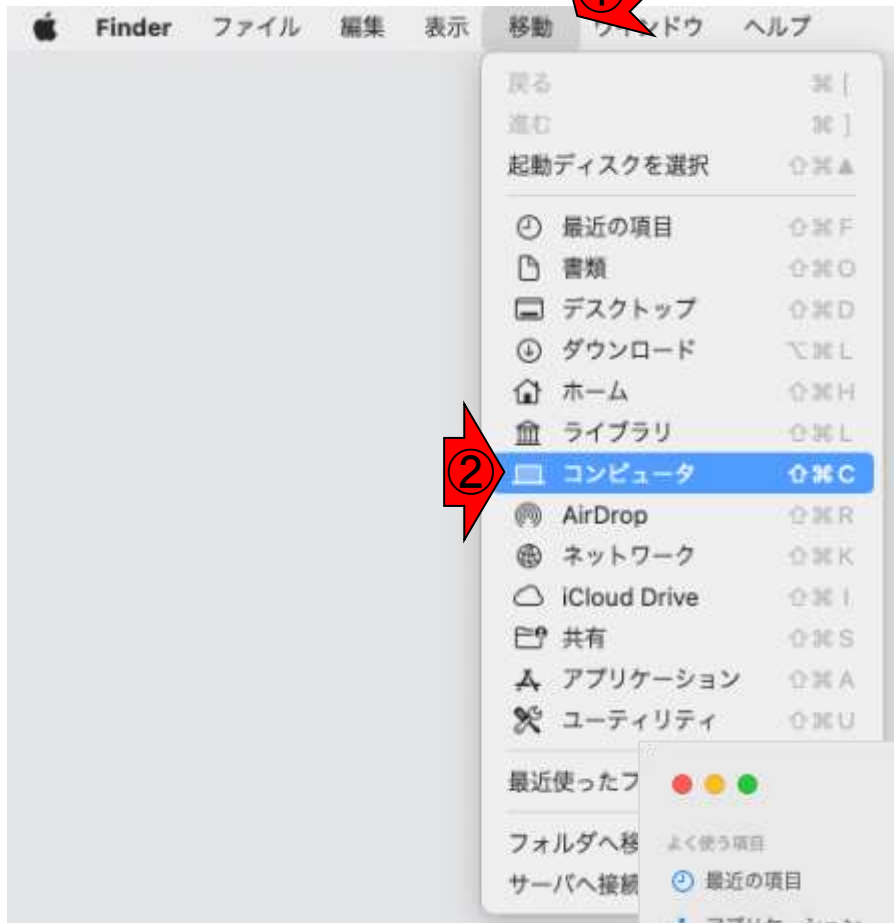


AppCleanerが削除する候補を自動的にリストアップします。①Removeボタンをクリックします。ユーザー認証されるので、パスワードを入力し、②OKボタンをクリックします。すると即座に選択していたファイルは削除され、AppCleaner起動時の画面に戻ります。Dockに追加されていたショートカットは残されるので、削除しておきます。



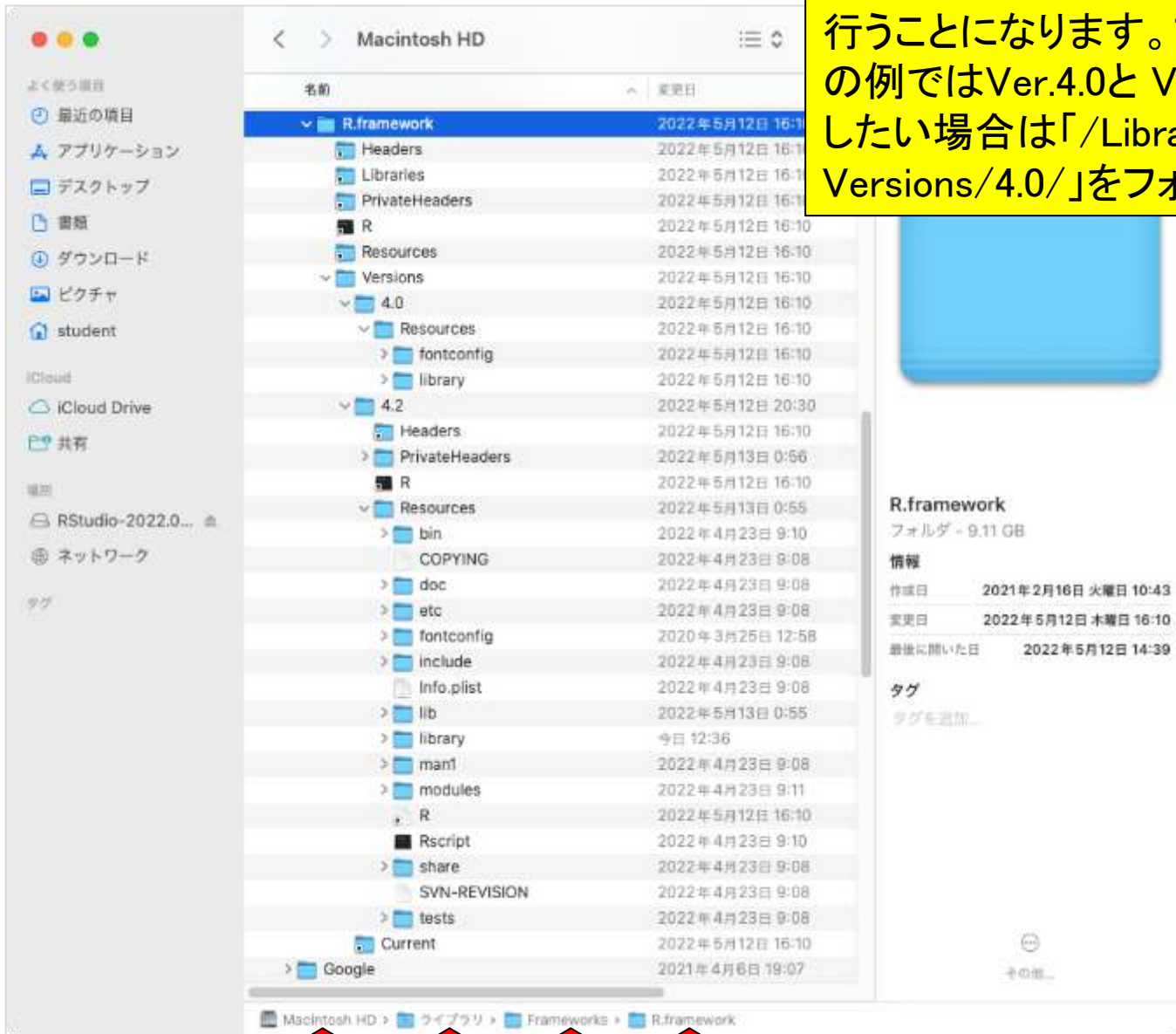
事前準備

パッケージ群の実体はアプリケーションとは別の場所にあります。Finderを表示し、①移動メニューのプルダウンリストから②コンピュータを選んで表示します。③Macintosh HDをダブルクリック。



事前準備

開いた①MacintoshHDの②ライブラリ③Frameworks④R.frameworkの中にパッケージ群があります。異なるバージョンを共存させる場合、ここでバージョン管理を行うこととなります。古いバージョンを削除する場合、この例ではVer.4.0と Ver.4.2がありますが、Ver.4.0を削除したい場合は「/Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.0/」をフォルダごと削除します。

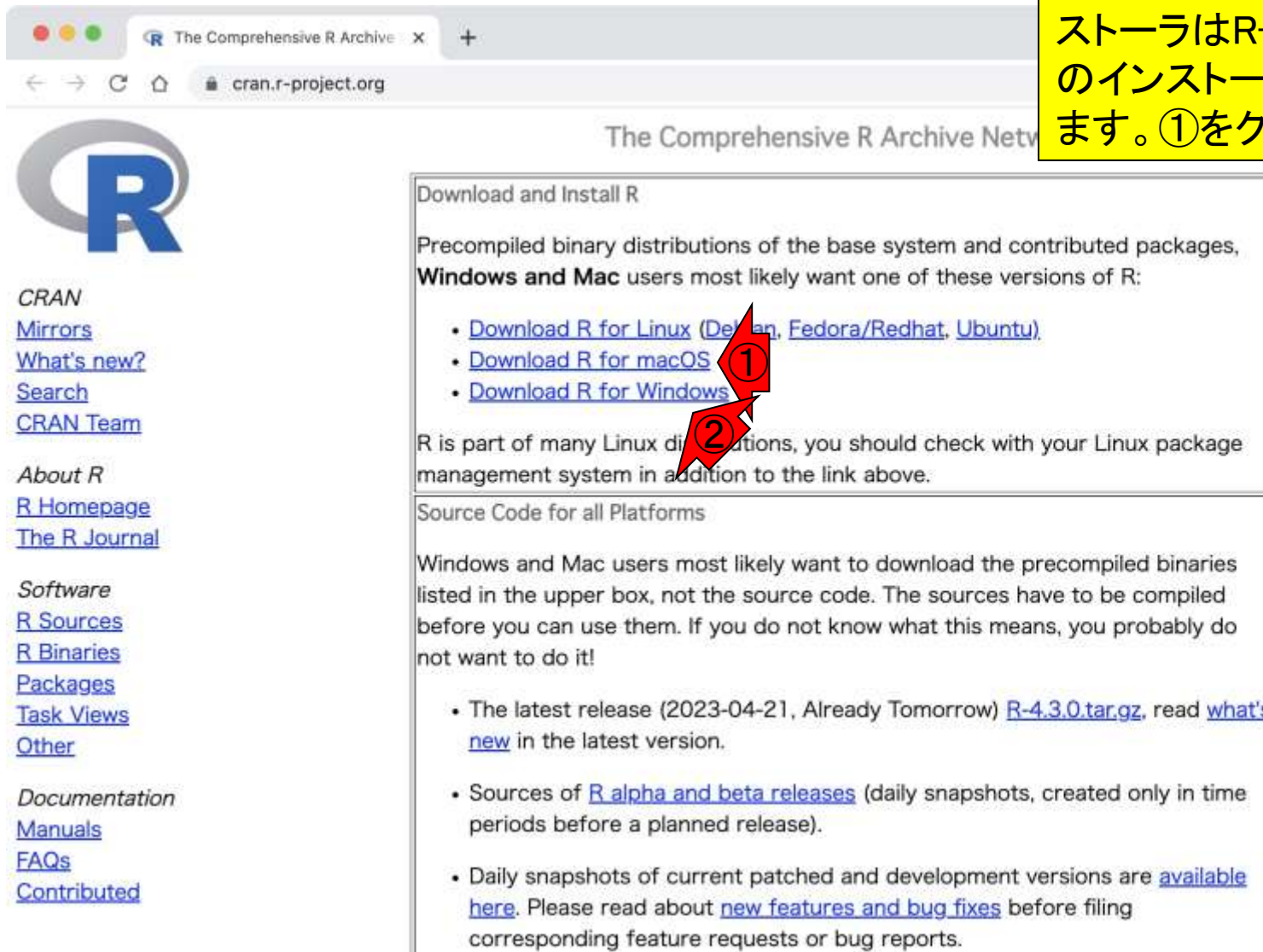


Contents

- 事前準備: 古いR本体とパッケージ群の削除(任意)
- R本体のインストール
- Macintosh環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- Macintosh環境設定(隠しファイルも表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- Rパッケージ
 - CRANのパッケージのインストール
 - Bioconductorのパッケージのインストール
 - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

R本体のインストール 1

①Macユーザはこちら。②Windowsユーザはこちら。2023年6月13日現在の最新バージョンは4.3.0。この場合、MacのインストーラはR-4.3.0-*.pkgとなり、Windowsのインストーラは、R-4.3.0-win.exeとなります。①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](#) (Debian, Fedora/Redhat, Ubuntu).
- [Download R for macOS](#) ①
- [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 (2023-04-21, Already Tomorrow) [R-4.3.0.tar.gz](#), read [what's new](#) in the latest version.
- Sources of [R alpha and beta releases](#) (daily snapshots, created only in time periods before a planned release).
- Daily snapshots of current patched and development versions are [available here](#). Please read about [new features and bug fixes](#) before filing corresponding feature requests or bug reports.

Left sidebar navigation:

- 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
- [Manuals](#)
- [FAQs](#)
- [Contributed](#)

R本体のインストール 2

①下の方に移動すると、②最新版に関する情報が見られます。

The Comprehensive R Archive
cran.r-project.org

R for macOS

This directory contains binaries for the base distribution and of R and packages to run on macOS. R and package binaries for R versions older than 4.0.0 are only available from the [CRAN archive](#) so users of such versions should adjust the CRAN mirror setting (<https://cran-archive.r-project.org>) accordingly.

Note: Although we take precautions when assembling binaries, please use the normal precautions with downloaded executables.

R 4.3.0 "Already Tomorrow" released on 2023/04/21

Please check the integrity of the downloaded package by checking the signature:
pkgutil --check-signature R-4.3.0.pkg
in the *Terminal* application. If Apple tools are not available you can check the SHA1 checksum of the downloaded image:
openssl sha1 R-4.3.0.pkg

Latest release:

For Apple silicon (M1/M2) Macs: **R 4.3.0** binary for macOS 11 (**Big Sur**) and higher, signed and notarized packages.
[R-4.3.0-arm64.pkg](#)
SHA1-
hash: 8ee0276daa9841993f218ebd2a8a7aa86c00d470
(ca. 90MB, notarized and signed)

For older Intel Macs:
[R-4.3.0-x86_64.pkg](#)
SHA1-
hash: d28e528c8e3ee761aa4b871a8d444a1bfbee9bd3
(ca. 92MB, notarized and signed)

Contains R 4.3.0 framework, R.app GUI 1.79, Tcl/Tk 8.6.12 X11 libraries and Tinfo 6.8. The latter two components are optional and can be omitted when choosing "custom install", they are only needed if you want to use the tcltk R package or build package documentation from sources.

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
[Manuals](#)
[FAQs](#)
[Contributed](#)

R本体のインストール 3

同じ最新版バージョンであっても、macOSやプロセッサの種類によってダウンロードするパッケージが異なることに注意してください。(OSやプロセッサの種類は、Appleメニュー>「このMacについて」を表示します。Intelプロセッサ搭載のMacでは、「このMacについて」に①「プロセッサ」という項目があり、Intelプロセッサの名前が表示されます。)

The screenshot shows the CRAN website page for R 4.3.0. The page is titled "The Comprehensive R Archive" and "cran.r-project.org". It features the R logo and navigation links on the left. The main content is divided into two sections: "For Apple silicon (M1/M2) Macs:" and "For older Intel Macs:". Each section provides a download link, SHA1 hash, and file size. The Apple silicon section includes a note about macOS 11 (Big Sur) and signed packages. The Intel Macs section includes a note about optional components like X11 and tcltk. A note for macOS Ventura users mentions a known bug in the Downloads folder. A note about XQuartz is also present. The page concludes with information about the release's dependencies on Xcode and GNU Fortran.

For Apple silicon (M1/M2) Macs:
[R-4.3.0-arm64.pkg](#)
SHA1-
hash: Bee0276daa9841993f218ebd2a8a7aa86c00d470
(ca. 90MB, notarized and signed)

For older Intel Macs:
[R-4.3.0-x86_64.pkg](#)
SHA1-
hash: d28e528c8e3ee761aa4b871a8d444a1bfbee9bd3
(ca. 92MB, notarized and signed)

R 4.3.0 binary for macOS 11 (Big Sur) and higher, signed and notarized packages.

Contains R 4.3.0 framework, R.app GUI 1.79, Tcl/Tk 8.6.12 X11 libraries and Tinfo 6.8. The latter two components are optional and can be omitted. If you choose "custom install", they are only needed if you want to use the tcltk R package or build packages from sources.

macOS Ventura users: there is a known bug in macOS Ventura preventing installations from some locations without a prompt. If the installation fails, move the downloaded file away from the *Downloads* folder (e.g., to your home or Desktop)

Note: the use of X11 (including tcltk) requires [XQuartz](#) (version 2.8.5 or later). Always re-install XQuartz when upgrading your macOS to a new major version.

This release uses Xcode 14.2/14.3 and GNU Fortran 12.2. If you wish to compile R packages which contain Fortran code, you may need to download the corresponding GNU Fortran compiler from <https://mac.R-project.org/tools>. Any external libraries and tools are expected to live in `/opt/R/arm64` (Apple silicon) or `/opt/R/x86_64` (Intel).

The screenshot shows the system information page for a MacBook Pro. The page displays the model name "MacBook Pro" and its specifications. A red arrow with the number "1" points to the "プロセッサ" (Processor) section, which lists "2 GHz クアッドコアIntel Core i5". Other specifications include "グラフィックス: Intel Iris Plus Graphics 1536 MB", "メモリ: 16 GB 3733 MHz LPDDR4X", and "macOS: Ventura 13.3".

MacBook Pro
13-inch, 2020, Four Thunderbolt 3 ports

① プロセッサ 2 GHz クアッドコアIntel Core i5
グラフィックス Intel Iris Plus Graphics 1536 MB
メモリ 16 GB 3733 MHz LPDDR4X
シリアル番号 C82DV8BHML7M
macOS Ventura 13.3

詳細情報...

Apple logo and © 1983-2023 Apple Inc. All Rights Reserved.

R本体のインストール 4

自分のOSに合った方の①R-4.X.Y.pkgをクリックし、適当な保存場所(ここではダウンロード)で②保存をクリック。

The image shows two screenshots from the CRAN website. The first screenshot shows the download page for R 4.3.0 on Intel Macs. A red arrow labeled '1' points to the download link 'R-4.3.0-x86_64.pkg'. The second screenshot shows a file download dialog box with the filename 'R-4.3.0-x86_64.pkg' and a red arrow labeled '2' pointing to the '保存' (Save) button.

For Apple silicon (M1/M2) Macs: [R-4.3.0-arm64.pkg](#)
SHA1-
hash: Bee0276daa9841993f218ebd2a8a7aa86c00d470
(ca. 90MB, notarized and signed)

For older Intel Macs: [R-4.3.0-x86_64.pkg](#)
SHA1-
hash: d28e528c8e3ee7...
(ca. 92MB, notarized and signed)

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
[Manuals](#)
[FAQs](#)
[Contributed](#)

R 4.3.0 binary for macOS 11 (Big Sur) and higher, signed and notarized packages.
Contains R 4.3.0 framework, R.app GUI 1.79, Tcl/Tk 8.6.12 X11 libraries and Tinfo 6.8. The latter two components are optional and can be omitted when needed if build package

ダウンロード

R-4.3.0-x86_64.pkg

AppCleaner_3.6.7.zip
hoge4.tla
MBCluster.Seg_3.0.tar
Old
R-4.3.3.pkg
RStudio-202...0-386.dmg
RStudio-202...31-446.dmg
RStudio-202...8.0-421.dmg

新規フォルダ キャンセル 保存

This release uses Xcode 14.2/14.3 and GNU Fortran 12.2. If you wish to compile R packages which contain Fortran code, you may need to download the corresponding GNU Fortran compiler from <https://mac.R-project.org/tools>. Any external libraries and tools are expected to live in /opt/R/arm64 (Apple silicon) or /opt/R/x86_64 (Intel).

R本体のインストール 5

自分のOSに合った方の①R-4.X.Y.pkgをクリックし、適当な保存場所(ここではダウンロード)で②保存をクリック。③ダウンロードリストを表示し、④Finderでダウンロードしたファイルを表示。

The screenshot shows the CRAN website page for R 4.3.0. The main content is divided into two sections: "For Apple silicon (M1/M2) Macs:" and "For older Intel Macs:". The Apple silicon section lists the file [R-4.3.0-arm64.pkg](#) with a SHA1 hash and size. The Intel Macs section lists [R-4.3.0-x86_64.pkg](#) with a SHA1 hash and size. A sidebar on the left 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, Documentation, Manuals, FAQs, and Contributed. A download progress window is open in the top right, showing the file [R-4.3.0-x86_64.pkg](#) (92.4 MB) and a "すべてのダウンロードを表示" button. A Finder window is open in the bottom right, showing the downloaded file.

①

②

③

④

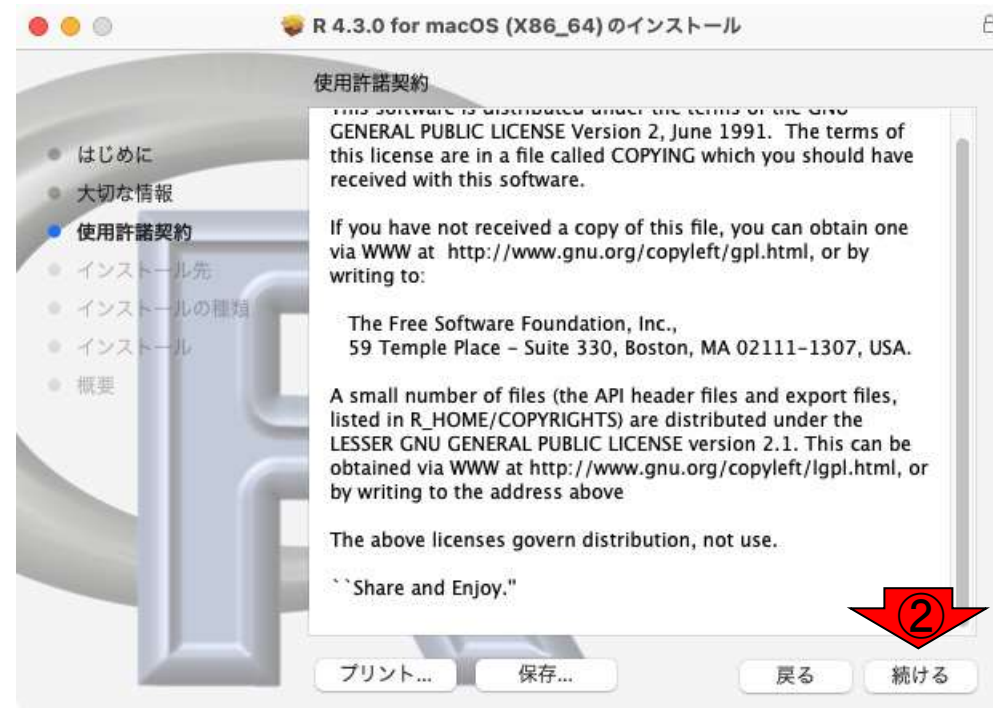
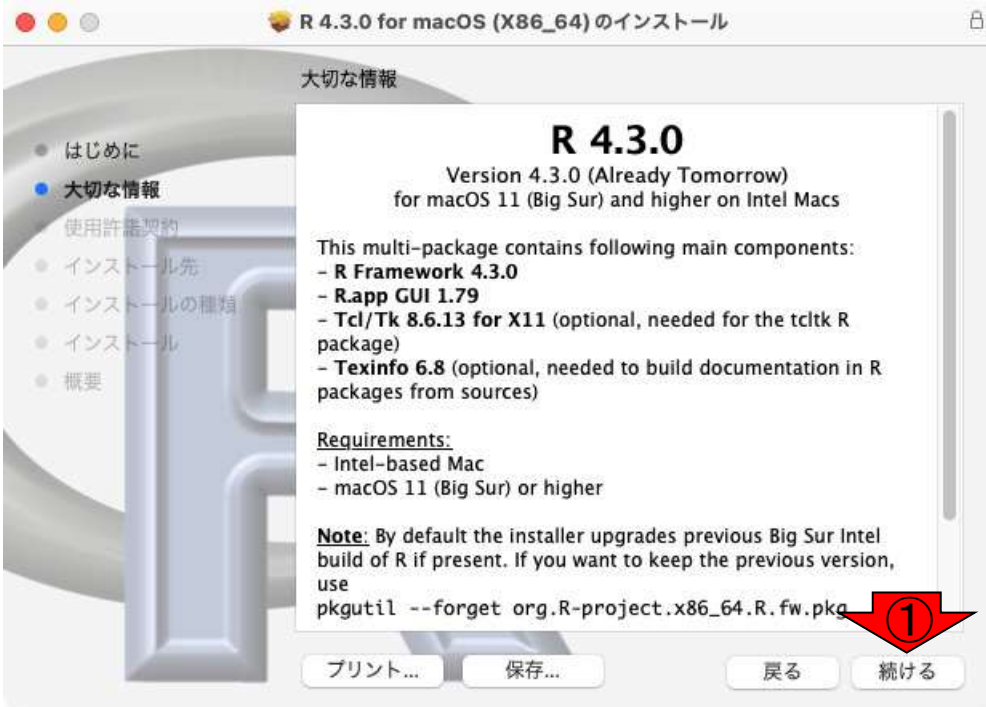
R本体のインストール 6

ダウンロードが完了すると、①ダウンロードフォルダに②R-4.X.Y.pkgファイルがあります。これをダブルクリックし、③続けるをクリックして実行します。



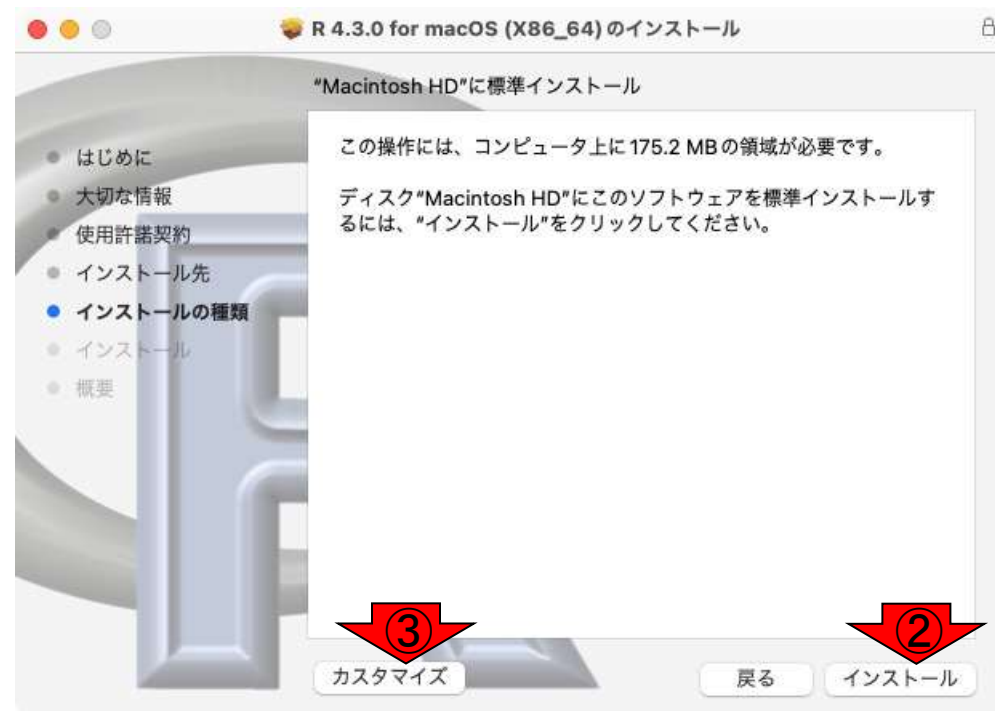
R本体のインストール 7

①、②続けるを選択します。



R本体のインストール 8

①同意する、インストール内容をカスタマイズする必要が無ければ、②インストールを選択します。③カスタマイズをクリックした場合は…



R本体のインストール 9

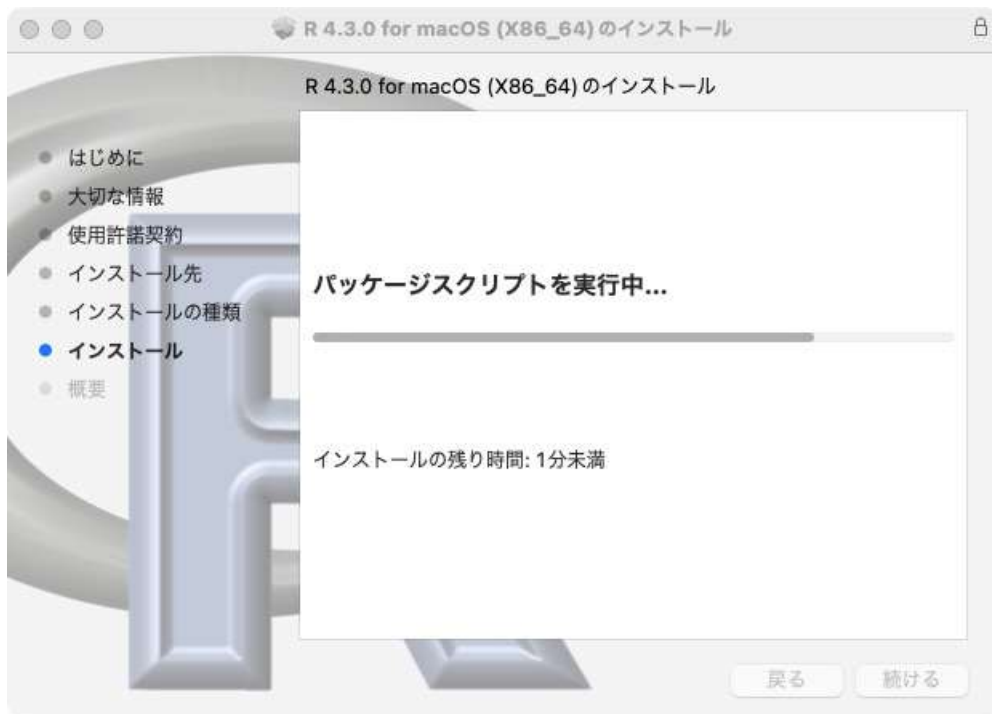


①同意する、インストール内容をカスタマイズする必要が無ければ、②インストールを選択します。③カスタマイズをクリックした場合は④インストールするパッケージを選択できます。⑤インストールをクリック。⑥認証が必要な場合は指示に従って認証してください。インストールが開始されます。



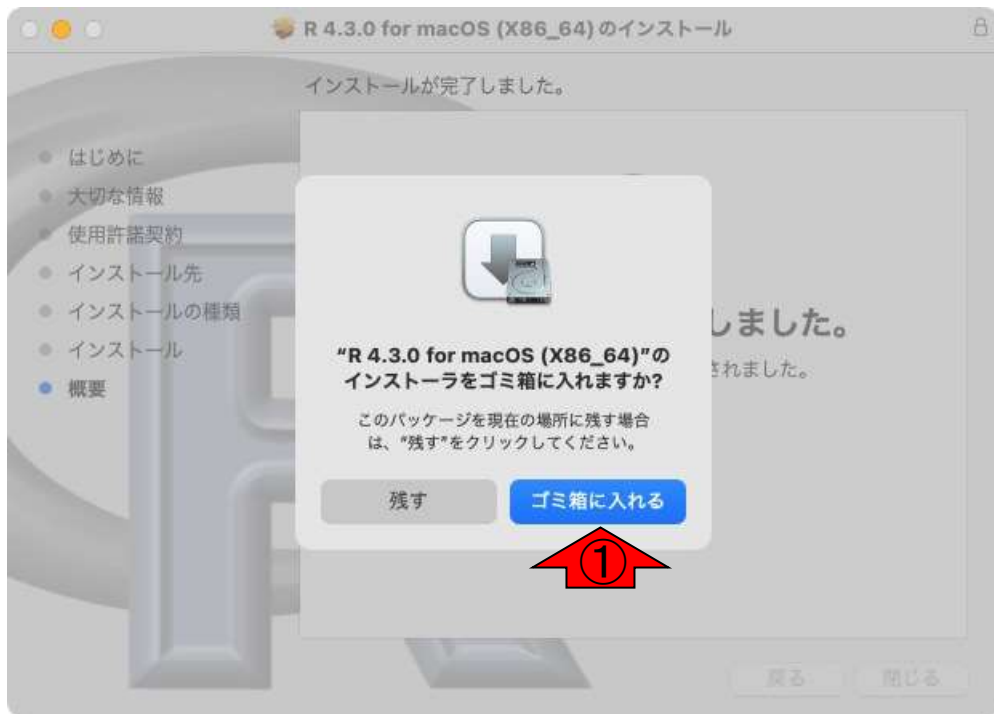
R本体のインストール 10

インストールが完了したら、
①閉じるをクリックします。



R本体のインストール 11

インストーラを残しておきたい場合を除き、①ごみ箱に入れるを選択します。通常は一度インストールしてしまえば不要ですし、必要な場合は再度ダウンロードすることが可能ですが、②のように何らかの理由で削除できない場合があります。気にせずOKをクリックします。



Contents

- 事前準備: 古いR本体とパッケージ群の削除(任意)
- R本体のインストール
- Macintosh環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- Macintosh環境設定(隠しファイルも表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- 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)

①ファイルの拡張子を明示させる作業です。

Macintosh環境設定 1

インストール | R本体とRStudio | 最新版 | Mac用

最新版（リリース版のこと）は、下記手順を実行します。インストールが無事完了したら、Finderを起動して、左のメニューの「アプリケーション」をクリックすると、Rのアイコンが作成されていることが確認できます。2022年05月16日現在の最新版は、[R-4.2.0.pkg](#)です。

1. <http://cran.r-project.org/bin/macosx/>の「R-4.X.Y.pkg」をクリック。（XやY中の数値はバージョンによって異なります）
2. ダウンロードしたファイルをダブルクリックして、基本的には「次へ」などを押しながらインストールを完了させる
3. 「Finder」 - 「環境設定」 - 「詳細」 タブのところまで「すべてのファイル名拡張子を表示」にチェックを入れる。
4. [RStudioのダウンロードサイト](#)をクリックし、「RStudio-2022.02.1-461.dmg」と酷似したファイル名のものをクリック。
5. [XQuartz](#)をインストール(2022/05/16追加)

インストール | R本体 | 過去版 | Win用

昔のバージョンをインストールしたい局面もごく稀にあると思います。その場合は、[ここ](#)をクリックして、任意のバージョンのものをインストールしてください。例えば、2014年10月リリースのver. 3.1.2をインストールしたい場合は、[3.1.2](#)をクリックして、「[Download R 3.1.2 for Windows](#)」をクリックすれば、後は最新版と同じです。

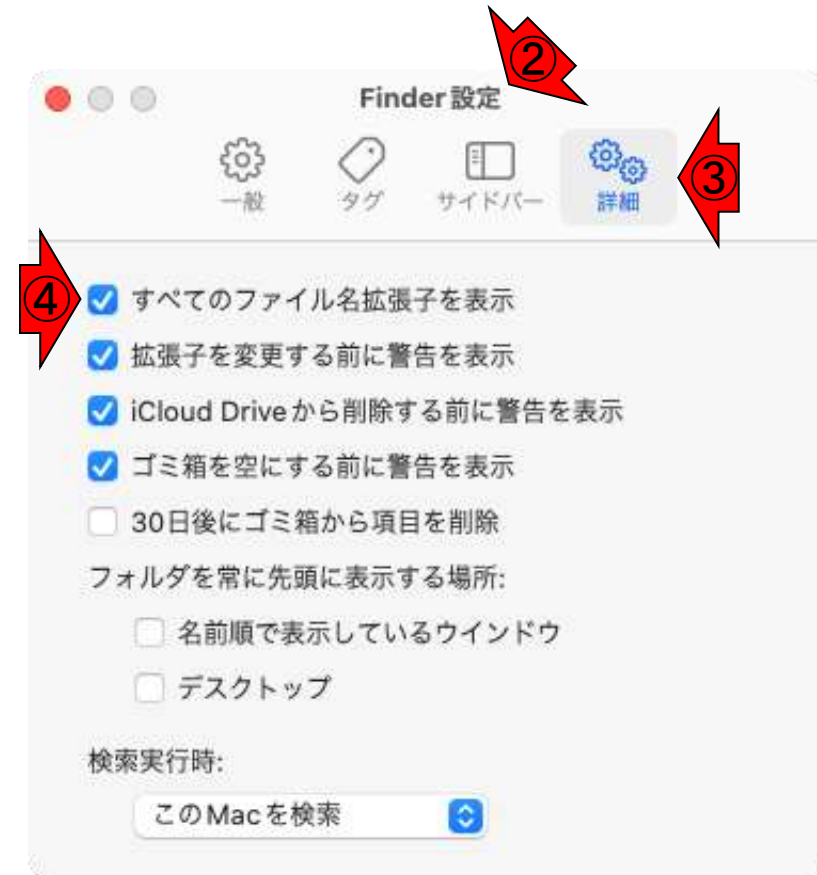
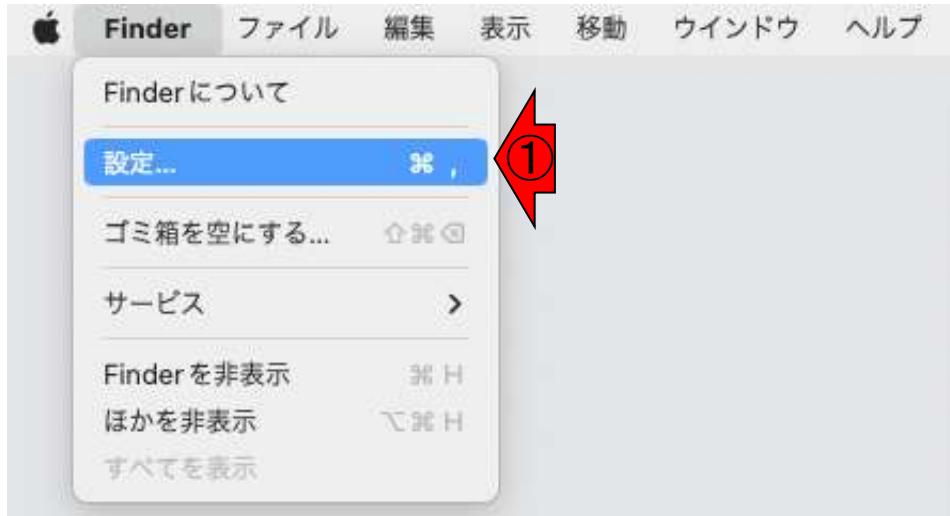
インストール | R本体 | 過去版 | Mac用

昔のバージョンをインストールしたい局面もごく稀にあると思います。その場合は、<http://cran.r-project.org/bin/macosx/old/>または<https://cran.r-project.org/bin/macosx/base/>をクリックして、任意のバージョンのものをインストールしてください。例えば、2014年10月リリースのver. 3.1.2をインストールしたい場合は、ページ下部の「[R-3.1.2-marvericks.pkg](#)」をクリックすれば、後は最新版と同じです。2022年12月03日現在、Windowsの場合はR本体のバージョンがver. 4シリーズもver. 3シリーズも[ここ](#)の同じリンク先から見られます。しかし、Macの場合は<http://cran.r-project.org/bin/macosx/old/>だとver. 3シリーズのみしか見られませんのでご注意ください。<https://cran.r-project.org/bin/macosx/base/>にはver. 4シリーズがリストアップされています(2022.12.03追加)。

[トップページへ](#)

Macintosh環境設定 2

Finderのプルダウンメニューで①設定を選び、②Finder設定画面が起動したら、③詳細タブの④すべてのファイル名拡張子を表示にチェックを入れます。

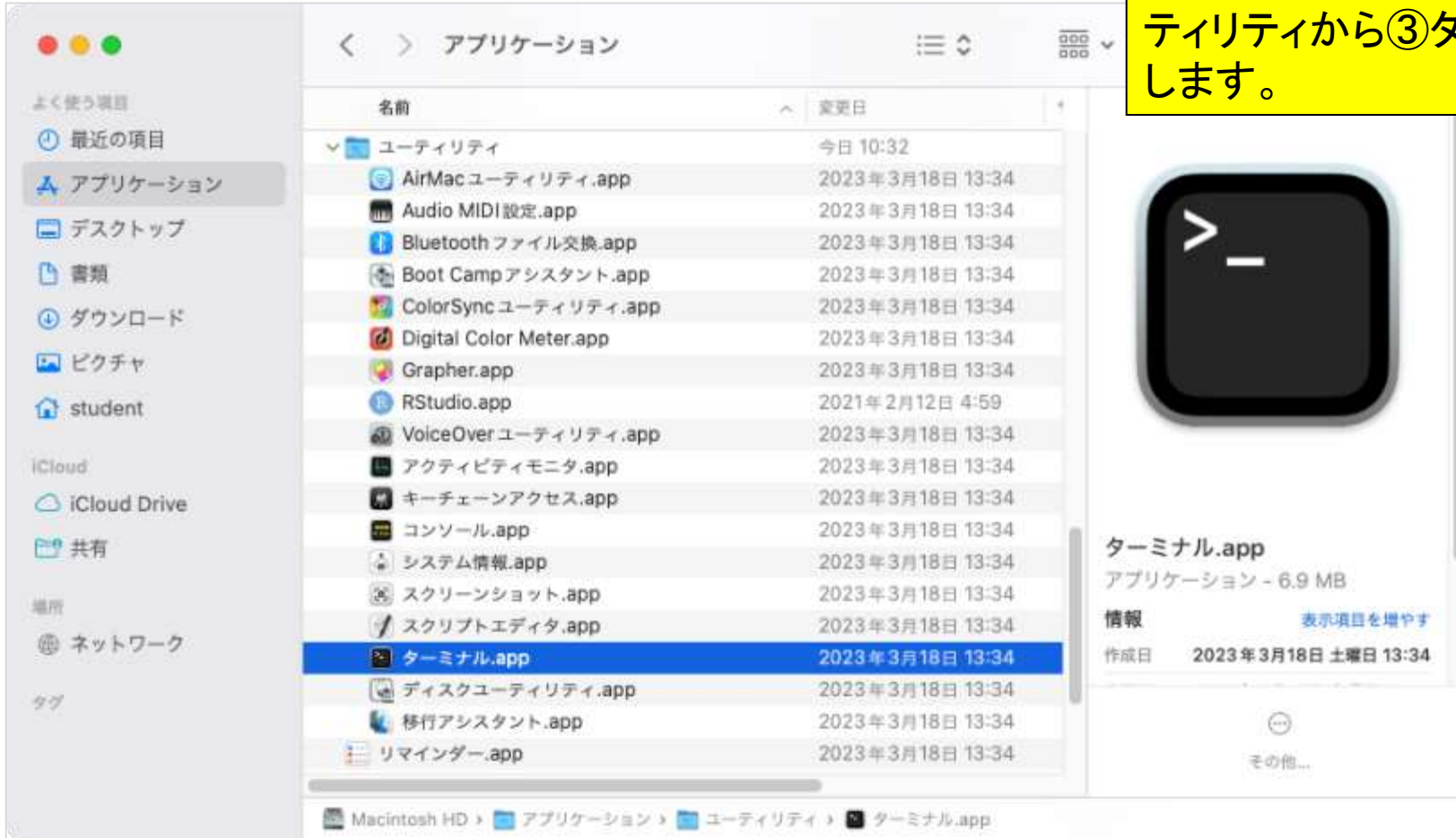


Contents

- 事前準備: 古いR本体とパッケージ群の削除(任意)
- R本体のインストール
- Macintosh環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- Macintosh環境設定(隠しファイルも表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- 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)

Macintosh環境設定 3

隠しファイル(ピリオドで始まるファイルやフォルダ)も表示する場合は、Finderの①アプリケーション→②ユーティリティから③ターミナル.appを起動します。



Macintosh環境設定 4

ターミナルが起動したら、①
defaults write com.apple.finder
AppleShowAllFiles TRUEと(途中
で改行を入れずに)入力して、リ
ターンキーを押します。

```
student — -zsh — 80x24
Last login: Thu Mar 30 10:33:37 on console
(base) ~ $ defaults write com.apple.finder AppleShowAllFiles TRUE
(base) ~ $ █
defaults write com.apple.finder AppleShowAllFiles TRUE
```



Macintosh環境設定 5

ターミナルが起動したら、① defaults write com.apple.finder AppleShowAllFiles TRUEと(途中で改行を入れずに)入力して、リターンキーを押します。設定を反映するために②killall Finderと入力してリターンキーを押し、「Finder」を終了します。

```
student — -zsh — 80x24
Last login: Thu Mar 30 10:33:37 on console
(base) ~ $ defaults write com.apple.finder AppleShowAllFiles TRUE
(base) ~ $ █
defaults write com.apple.finder AppleShowAllFiles TRUE
```



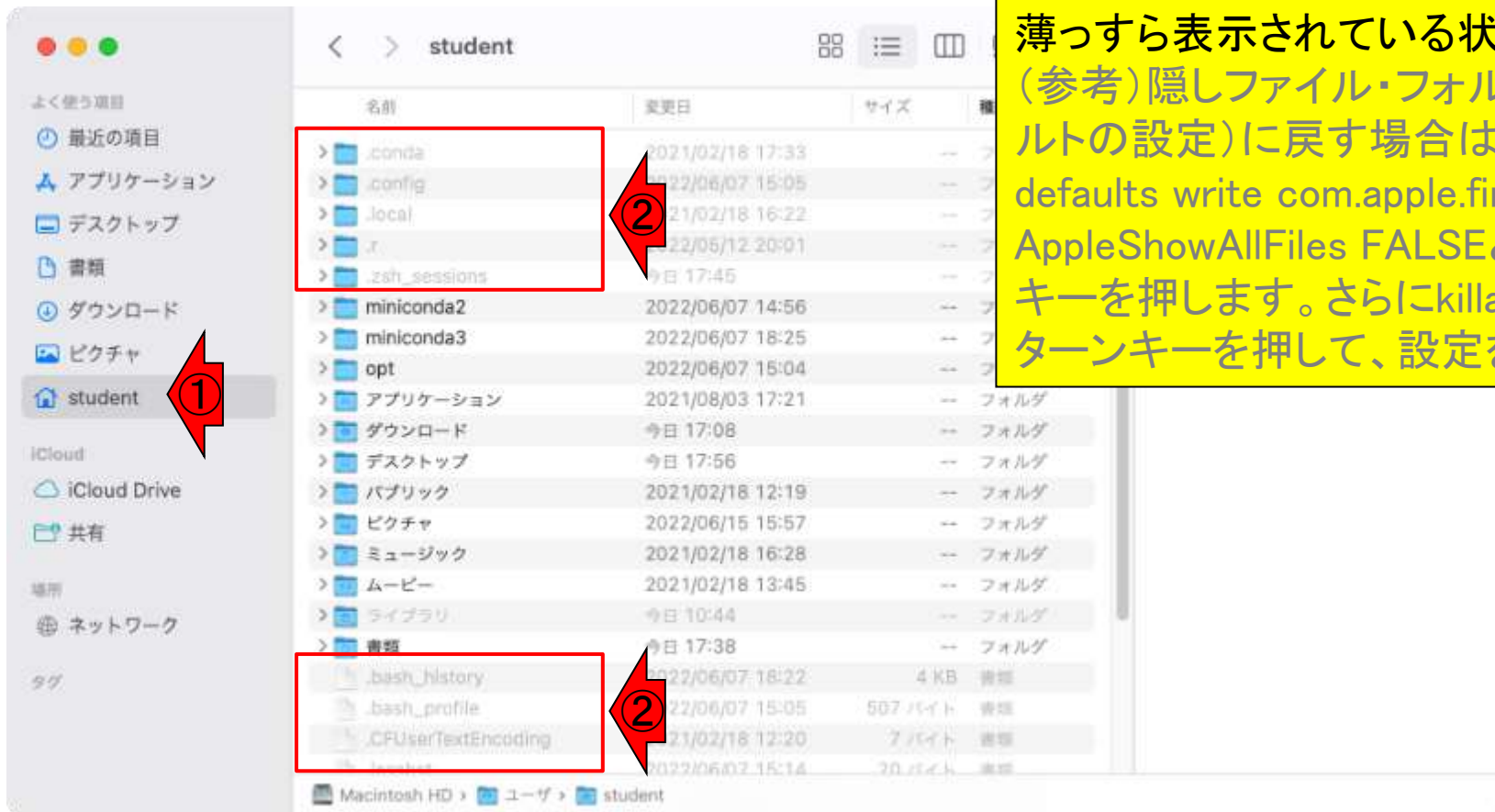
```
student — -zsh — 80x24
Last login: Thu Mar 30 10:33:37 on console
(base) ~ $ defaults write com.apple.finder AppleShowAllFiles TRUE

[(base) ~ $ killall Finder]
(base) ~ $ █
killall Finder
```



Macintosh環境設定 6

①ホームディレクトリを開くと、②ピリオド(.)で始まる隠しファイル(や隠しフォルダ)が薄っすら表示されるようになったことが確認できました。薄っすら表示されている状態でOKです。(参考)隠しファイル・フォルダを非表示(デフォルトの設定)に戻す場合は、ターミナルで defaults write com.apple.finder AppleShowAllFiles FALSEと入力し、リターンキーを押します。さらにkillall Finderと入力・リターンキーを押して、設定を反映させます。

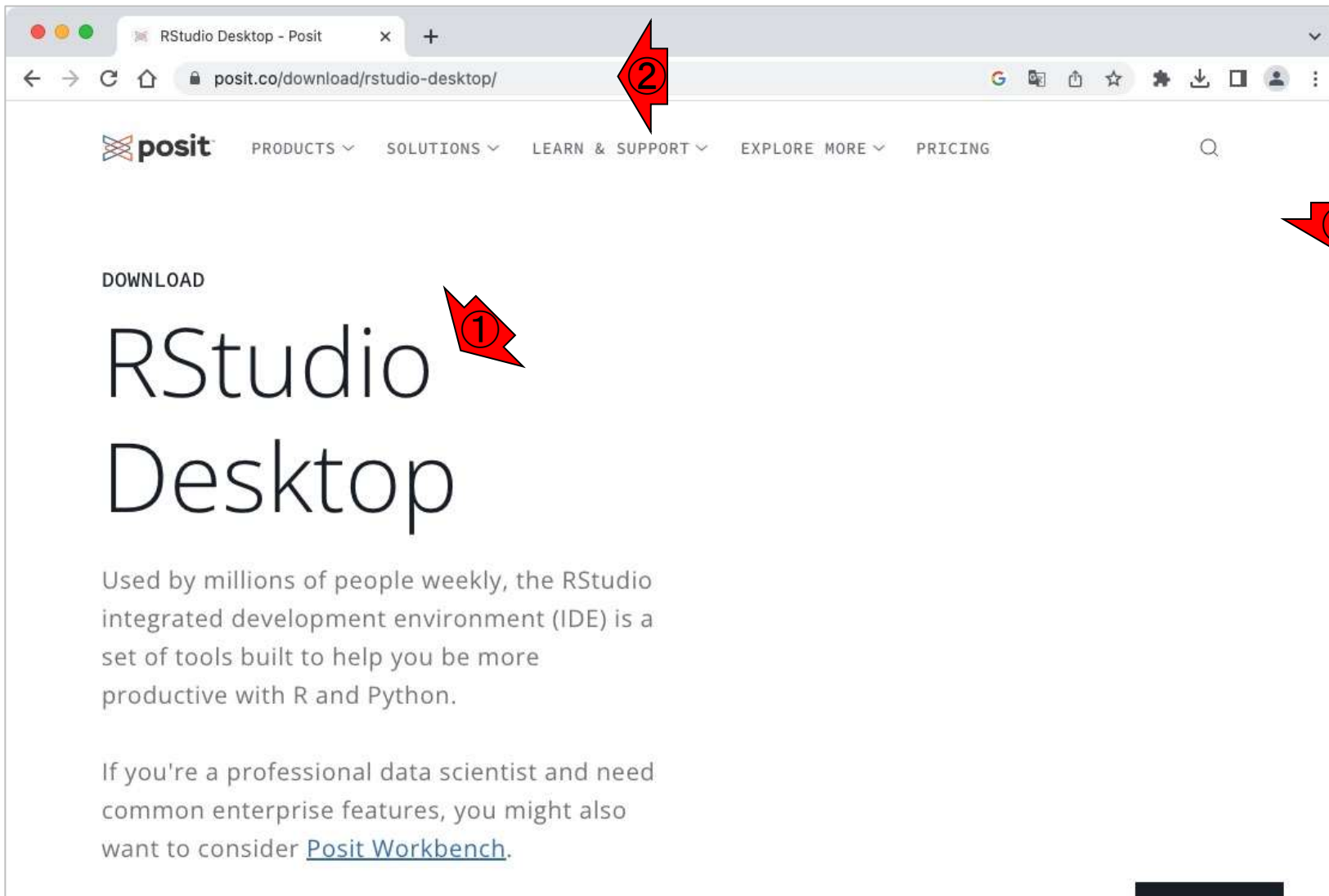


Contents

- 事前準備: 古いR本体とパッケージ群の削除(任意)
- R本体のインストール
- Macintosh環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- Macintosh環境設定(隠しファイルも表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- 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インストール 1

①RStudioの、②ダウンロードサイト。③
少しページ下部に移動。



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

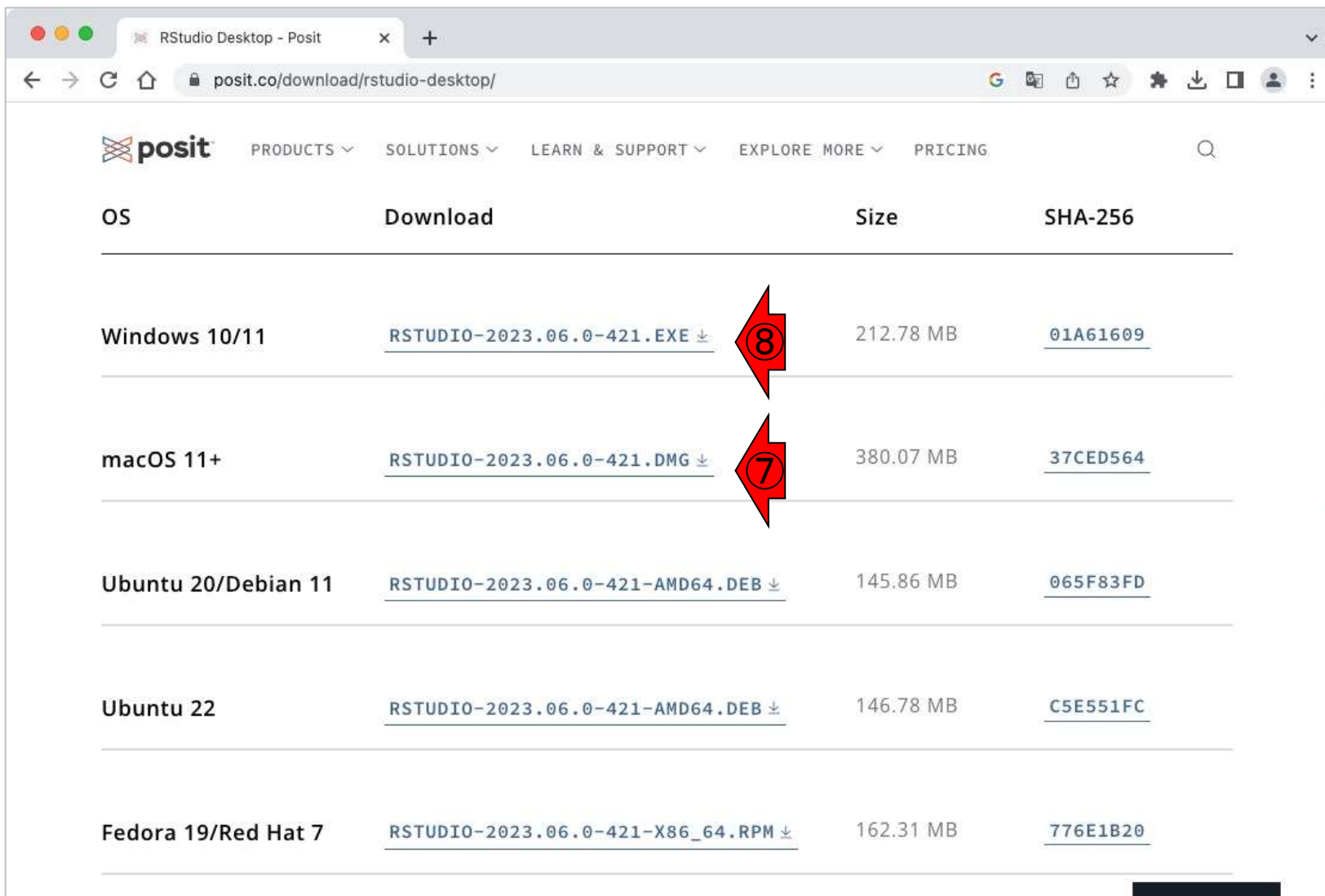
RStudioインストール 2

①RStudioの、②ダウンロードサイト。③少しページ下部に移動。さきほどR 4.3.0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。MacOS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。MacOS以外のOS用のものは、⑥もう少し下部にあります。

The screenshot shows the RStudio Desktop download page on the Posit website. The browser address bar shows 'posit.co/download/rstudio-desktop/'. The page has a navigation menu with 'posit' logo and links for 'SOLUTIONS', 'LEARN & SUPPORT', 'EXPLORE MORE', and 'PRICING'. The main content is divided into two sections: '1: Install R' and '2: Install RStudio'. The '1: Install R' section is highlighted with a red box and contains the text 'RStudio requires R 3.3.0+. Choose a version of R that matches your computer's operating system.' and a 'DOWNLOAD AND INSTALL R' button. The '2: Install RStudio' section features a 'DOWNLOAD RSTUDIO DESKTOP FOR MACOS 11+' button, a note that this version is only supported on macOS 11 and higher, and a link to 'download a previous version'. At the bottom, it lists 'Size: 380.07 MB | SHA-256: 37CED564 | Version: 2023.06.0+421 | Released: 2023-06-08'. Red arrows with numbers 4, 5, and 6 point to the Posit logo, the macOS download button, and the bottom of the page respectively.

RStudioインストール 3

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



OS	Download	Size	SHA-256
Windows 10/11	RSTUDIO-2023.06.0-421.EXE ↓	212.78 MB	01A61609
macOS 11+	RSTUDIO-2023.06.0-421.DMG ↓	380.07 MB	37CED564
Ubuntu 20/Debian 11	RSTUDIO-2023.06.0-421-AMD64.DEB ↓	145.86 MB	065F83FD
Ubuntu 22	RSTUDIO-2023.06.0-421-AMD64.DEB ↓	146.78 MB	C5E551FC
Fedora 19/Red Hat 7	RSTUDIO-2023.06.0-421-X86_64.RPM ↓	162.31 MB	776E1B20

RStudioインストール 4

リンクをクリックしたら、適当なダウンロード先を指定します。ここではダウンロードフォルダです。①保存をクリック。

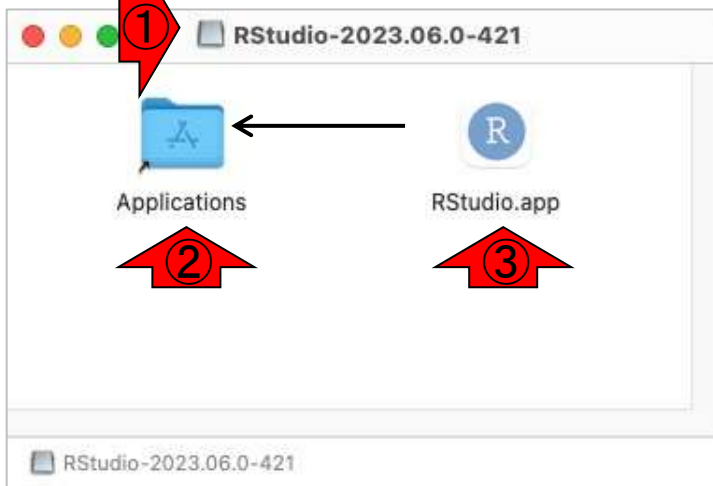


RStudioインストール 5

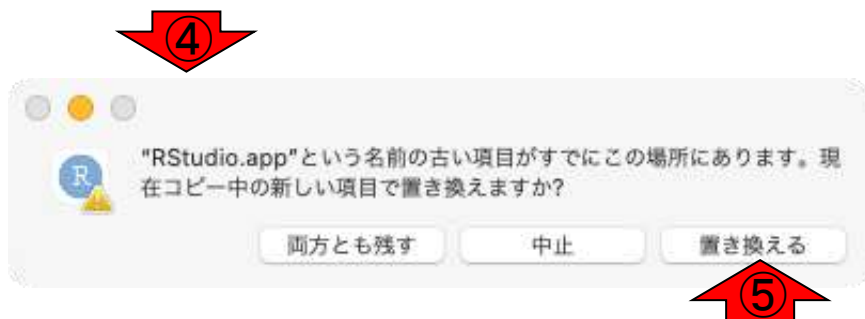
ダウンロードが完了したので、①をクリックしてダウンロードリストを表示し、②でダウンロードした場所を開きます。

The screenshot shows the RStudio Desktop download page on Posit. The page is titled "1: Install R" and "2: Install RStudio". The download button is labeled "DOWNLOAD RSTUDIO DESKTOP FOR MACOS 11+". The download progress bar shows "RStudio-2023.06.0-421.dmg" with a size of "362 MB" and a status of "完了" (Completed). A red arrow labeled "1" points to the download button, and another red arrow labeled "2" points to the download progress bar.

RStudioインストール 6



dmgファイルが展開されると、デスクトップに①RStudio-2023.06.0-421フォルダができ、この中に②Applicationsフォルダへのショートカットと③RStudio本体ができています。③RStudio.appアイコンを②Applicationsフォルダにドラッグし、アプリケーションフォルダのユーティリティにコピーします。既に別のRStudioがある場合、④のようにメッセージが表示されるので、⑤置き換えるを選択します。デスクトップのRStudio-2023.06.0-421フォルダは削除して構いません。



RStudioインストール 7

アプリケーションフォルダのRStudioの①バージョンなどがインストールしたものであることを確認します。

アプリケーション

名前	変更日	サイズ	種類
ncbi-blast-2.11.0+	2021年4月15日 14:24	--	フォルダ
News.app	2023年5月13日 7:29	10.5 MB	アプリケーション
Numbers.app	2023年4月4日 11:56	587.5 MB	アプリケーション
OneDrive.app	今日 10:03	1.13 GB	アプリケーション
Pages.app	2023年4月4日 12:08	650.2 MB	アプリケーション
PDF Expert.app	2021年3月26日 21:27	180 MB	アプリケーション
Photo Booth.app	2023年5月13日 7:29	4.4 MB	アプリケーション
QuickTime Player.app	2023年5月13日 7:29	6.5 MB	アプリケーション
R.app	今日 16:27	4.7 MB	アプリケーション
RStudio.app	2023年6月6日 10:08	86.2 MB	アプリケーション
Safari.app	2023年5月3日 16:02	13.3 MB	アプリケーション
Siri.app	2023年5月13日 7:29	2.5 MB	アプリケーション
Slack.app	2023年5月11日 20:18	473.6 MB	アプリケーション
Time Machine.app	2023年5月13日 7:29	1.2 MB	アプリケーション
TV.app	2023年5月13日 7:29	77.6 MB	アプリケーション
VirtualBox.app	2020年9月4日 17:06	247.6 MB	アプリケーション
zoom.us.app	2023年6月6日 16:47	263.8 MB	アプリケーション
イメージキャプチャ.app	2023年5月13日 7:29	3.2 MB	アプリケーション
カレンダー.app	2023年5月13日 7:29	13.5 MB	アプリケーション
システム設定.app	2023年5月13日 7:29	6.4 MB	アプリケーション
ショートカット.app	2023年5月13日 7:29	3.9 MB	アプリケーション
ステッキーズ.app	2023年5月13日 7:29	1.7 MB	アプリケーション
チェス.app	2023年5月13日 7:29	7.4 MB	アプリケーション
テキストエディット.app	2023年5月13日 7:29	2.3 MB	アプリケーション
ブック.app	2023年5月13日 7:29	91.7 MB	アプリケーション
フリーボード.app	2023年5月13日 7:29	50.3 MB	アプリケーション
プレビュー.app	2023年5月13日 7:29	9.4 MB	アプリケーション
ボイスメモ.app	2023年5月13日 7:29	6 MB	アプリケーション
ホーム.app	2023年5月13日 7:29	15.8 MB	アプリケーション

RStudio.app
アプリケーション - 86.2 MB

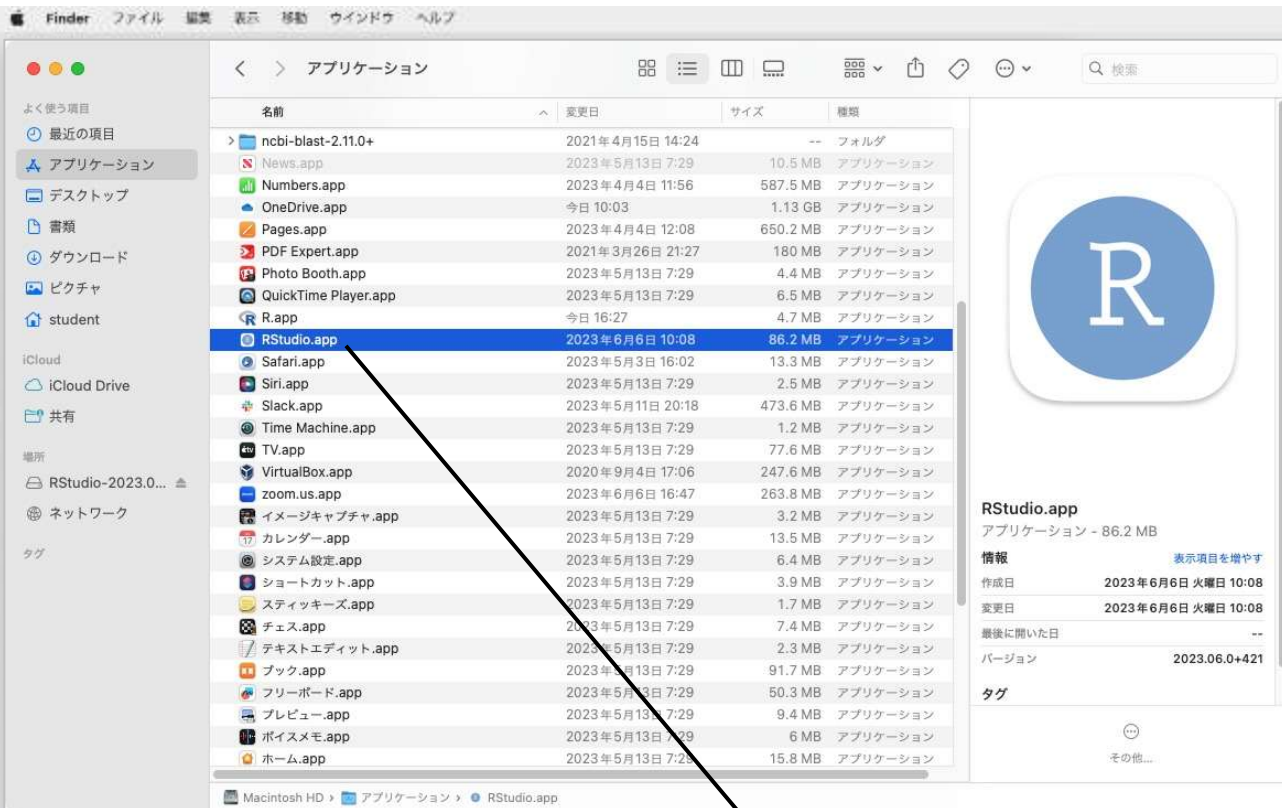
情報 [表示項目を増やす](#)

作成日 2023年6月6日 火曜日 10:08
変更日 2023年6月6日 火曜日 10:08
最後に開いた日 --
バージョン 2023.06.0+421

タグ
その他...

RStudioインストール 8

アプリケーションフォルダの
RStudio.appをDockの挿入したい
位置にドラッグ & ドロップします。
(既に古いバージョンのアイコン
があっても気にせずドラッグ)



Contents

- 事前準備: 古いR本体とパッケージ群の削除(任意)
- R本体のインストール
- Macintosh環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- Macintosh環境設定(隠しファイルも表示する)
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- Rパッケージ
 - CRANのパッケージのインストール
 - Bioconductorのパッケージのインストール
 - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

RStudioの起動 1

①DockのRStudioアイコンをクリックすると、②アプリケーションを開いても良いかという確認メッセージが表示されるので、③開くをクリックします。



RStudioの起動 2

RStudioが起動しました。①②最新バージョンがインストールできていることが確認できます。

R version 4.3.0 (2023-04-21) -- "Already Tomorrow"
Copyright (C) 2023 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin20 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

Natural language support but running in an English locale

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

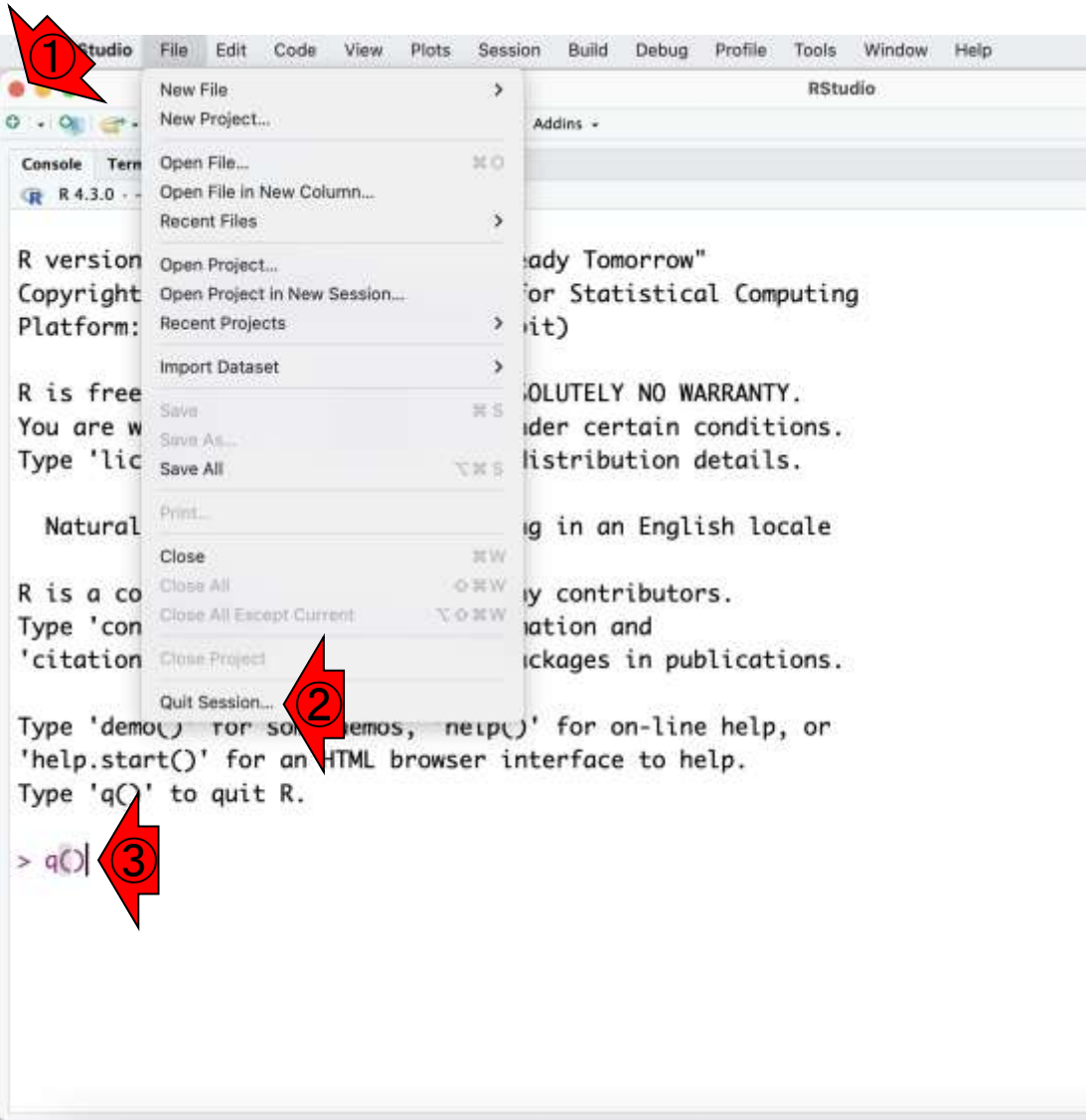
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

>

Name	Description	Version
<input checked="" type="checkbox"/> base	The R Base Package	4.3.0
<input type="checkbox"/> boot	Bootstrap Functions (Originally by Angelo Canty for S)	1.3-28.1
<input type="checkbox"/> class	Functions for Classification	7.3-21
<input type="checkbox"/> cluster	"Finding Groups in Data": Cluster Analysis Extended Rousseeuw et al.	2.1.4
<input type="checkbox"/> codeto...	Code Analysis Tools for R	0.2-19
<input type="checkbox"/> compiler	The R Compiler Package	4.3.0
<input checked="" type="checkbox"/> datasets	The R Datasets Package	4.3.0
<input type="checkbox"/> foreign	Read Data Stored by 'Minitab', 'S', 'SAS', 'SPSS', 'Stata', 'Systat', 'Weka', 'dBase', ...	0.8-84

RStudioの終了

RStudioを終了するには①×をクリックする、②RStudio FileメニューからQuit Sessionを選択する、③q()と入力し、リターンキーを押す、といった方法があります。「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「Don't save」で構いません。



Contents

- 事前準備: 古いR本体とパッケージ群の削除(任意)
- R本体のインストール
- Macintosh環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- Macintosh環境設定(隠しファイルも表示する)
- RStudioのインストール
- Macintosh環境設定(Dockへの追加)
- RStudioの起動と終了
- Rパッケージ
 - CRANのパッケージのインストール
 - Bioconductorのパッケージのインストール
 - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

Rパッケージ 1

- Macintosh ⇔ 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

Macintosh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Macintosh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

- Macintosh ⇔ 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/>)

Macintosh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Macintosh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本体とパッケージ群の削除(任意)
- R本体のインストール
- Macintosh環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- Macintosh環境設定(隠しファイルも表示する)
- RStudioのインストール
- Macintosh環境設定(Dockへの追加)
- RStudioの起動と終了
- Rパッケージ
 - CRANのパッケージのインストール
 - Bioconductorのパッケージのインストール
 - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

CRANのパッケージ 1

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

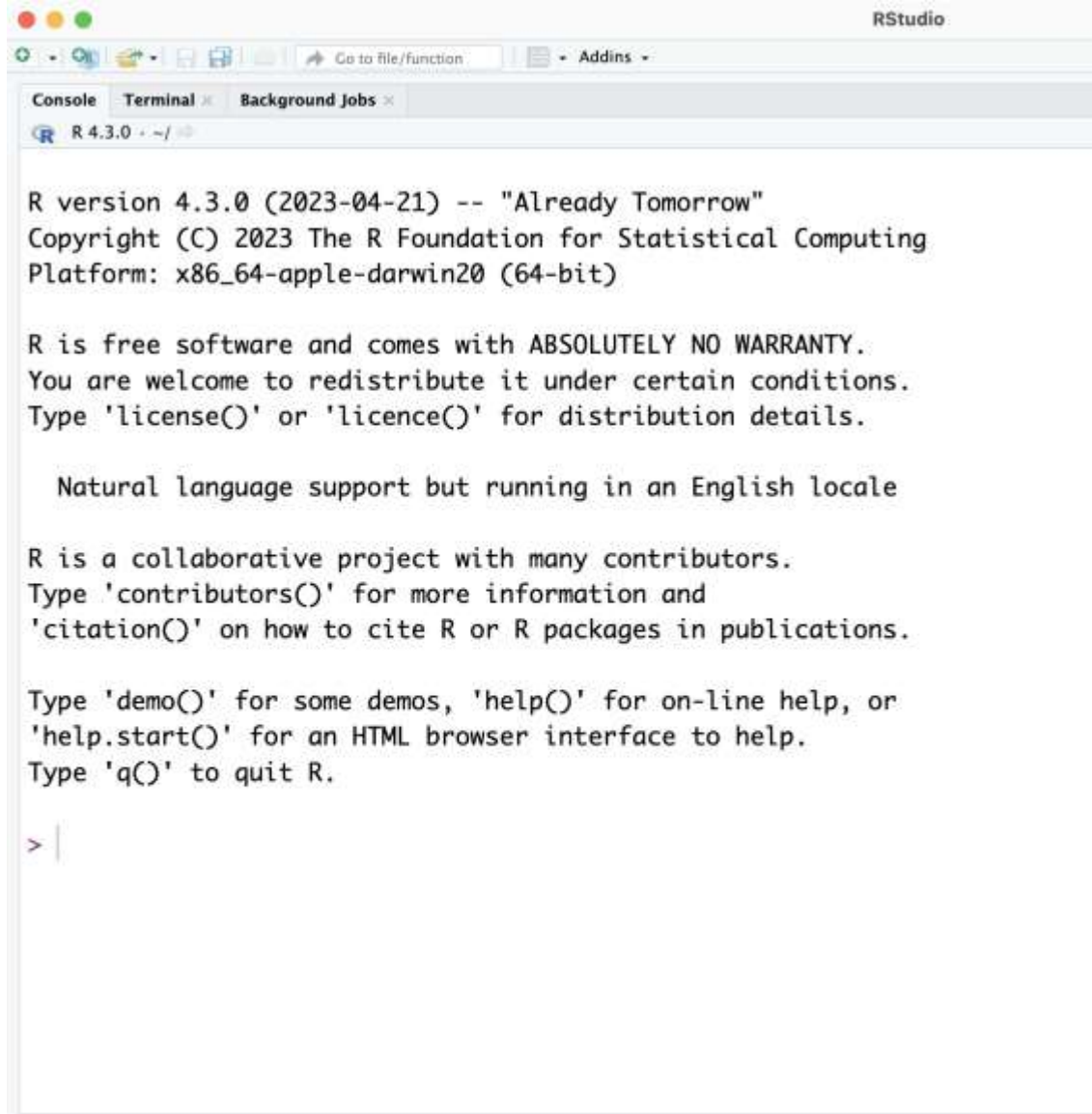
The screenshot shows the RStudio interface. The console on the left displays the R version information and license details. The Packages pane on the right is active, showing a list of installed packages in the System Library. A red arrow points to the Packages tab, and a red box highlights the package list.

```
R version 4.3.0 (2023-04-21) -- "Already Tomorrow"  
Copyright (C) 2023 The R Foundation for Statistical Computing  
Platform: x86_64-apple-darwin20 (64-bit)  
  
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.  
You are welcome to redistribute it under certain conditions.  
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.  
  
Natural language support but running in an English locale  
  
R is a collaborative project with many contributors.  
Type 'contributors()' for more information and  
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.  
  
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or  
'help.start()' for an HTML browser interface to help.  
Type 'q()' to quit R.  
  
> |
```

Name	Description	Ve...
<input checked="" type="checkbox"/> base	The R Base Package	4.3.0
<input type="checkbox"/> boot	Bootstrap Functions (Originally by Angelo Canty for S)	1.3-28.1
<input type="checkbox"/> class	Functions for Classification	7.3-21
<input type="checkbox"/> cluster	"Finding Groups in Data": Cluster Analysis Extended Rousseeuw et al.	2.1.4
<input type="checkbox"/> codeto...	Code Analysis Tools for R	0.2-19
<input type="checkbox"/> compiler	The R Compiler Package	4.3.0
<input checked="" type="checkbox"/> datasets	The R Datasets Package	4.3.0
<input type="checkbox"/> foreign	Read Data Stored by 'Minitab', 'S', 'SAS', 'SPSS', 'Stata', 'Systat', 'Weka', 'dBase', ...	0.8-84

CRANのパッケージ 2

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



```
R version 4.3.0 (2023-04-21) -- "Already Tomorrow"
Copyright (C) 2023 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin20 (64-bit)

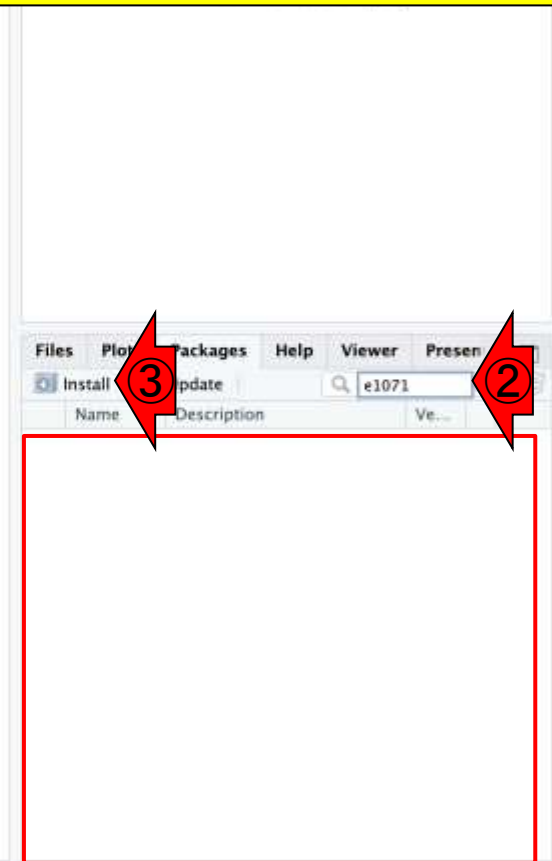
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

Natural language support but running in an English locale

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

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

> |
```



CRANのパッケージ 3

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

The screenshot shows the RStudio interface. The console window displays the R version 4.3.0 (2023-04-21) -- "Already Tomorrow" and copyright information. The Environment pane on the right shows "Environment is empty". The Packages pane at the bottom shows "Install" and "Update" buttons. An "Install Packages" dialog box is open, with the "Install from:" dropdown menu set to "Package Archive File (.tgz, .tar.gz)". A red arrow with the number 4 points to this dropdown menu.

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。

The screenshot shows the RStudio interface. The console displays the R version 4.3.0 (2023-04-21) and copyright information. The 'Install Packages' dialog box is open, showing the 'Repository (CRAN)' option selected in the dropdown menu, indicated by a red arrow with the number 5. The 'Package archive' field is empty, and the 'Install to Library' field shows the default path: `/Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.3-x86_64/Resources/library`. The 'Environment is empty' message is visible in the top right pane.

```
R version 4.3.0 (2023-04-21) -- "Already Tomorrow"
Copyright (C) 2023 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin20 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

Natural language support but running in an English locale

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

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

> |
```

CRANのパッケージ 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 4.3.0 (2023-04-21) -- "Already Tomorrow"
Copyright (C) 2023 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin20 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

Natural language support but running in an English locale

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

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

> |

Install Packages

Install from: Configuring Repositories
Repository (CRAN)

Packages (separate multiple with space or comma):

Install to Library:
/Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.3-x86_64/Resources/lib

Install dependencies

Install Cancel

Environment is empty

Files Plots Packages Help Viewer Presentations

Install Update e1071

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

CRANのパッケージ 6

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

R version 4.3.0 (2023-04-21) -- "Already Tomorrow"
Copyright (C) 2023 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin20 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

Natural language support but running in an English locale

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

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

> |

Install Packages

Install from: ⓘ Configuring Repositories

Repository (CRAN)

Packages (separate multiple with space or comma):

e

e1071

E4tools

E4tools

eadrm

eaf

Eagle

EAIinference

eAnalytics

earlygating

earlyR

earlywarnings

earth

earthtide

earthtones

Ease

EasyABC

easyAHP

easyalluvial

easynova

easycensus

easyCODA

easycsv

Install Cancel

Files Plots Packages Help Viewer Presentations

Install Update

e1071

Name Description Version

Environment is empty

CRANのパッケージ 7

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

The screenshot shows the RStudio interface. The console window displays the R version 4.3.0 (2023-04-21) and the R Foundation for Statistical Computing logo. The 'Install Packages' dialog box is open, showing the repository set to 'Repository (CRAN)', the package name 'e1071' entered in the 'Packages' field, and the 'Install to Library' dropdown set to the default R library path. The 'Install dependencies' checkbox is checked. A red arrow points to the 'Install' button, which is labeled with a circled '9'. The background shows the RStudio environment with the 'Global Environment' window open, displaying 'Environment is empty'.

CRANのパッケージ 8

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

```
RStudio

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

Natural language support but running in an English locale

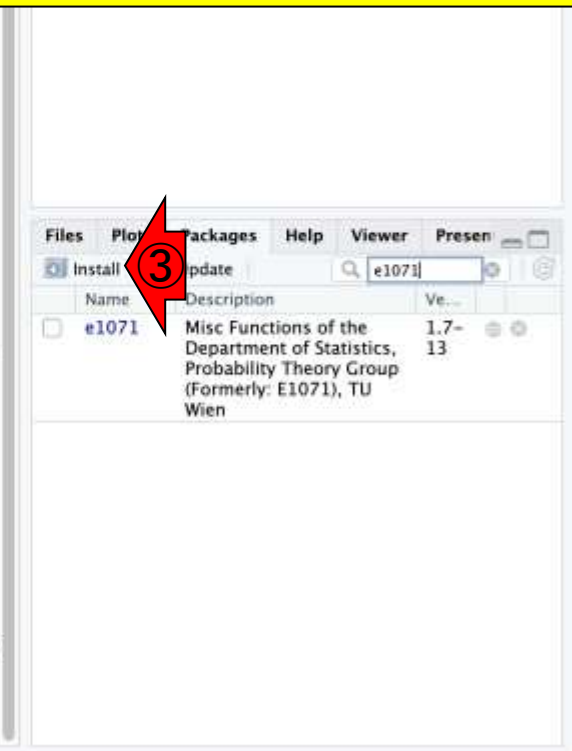
R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

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

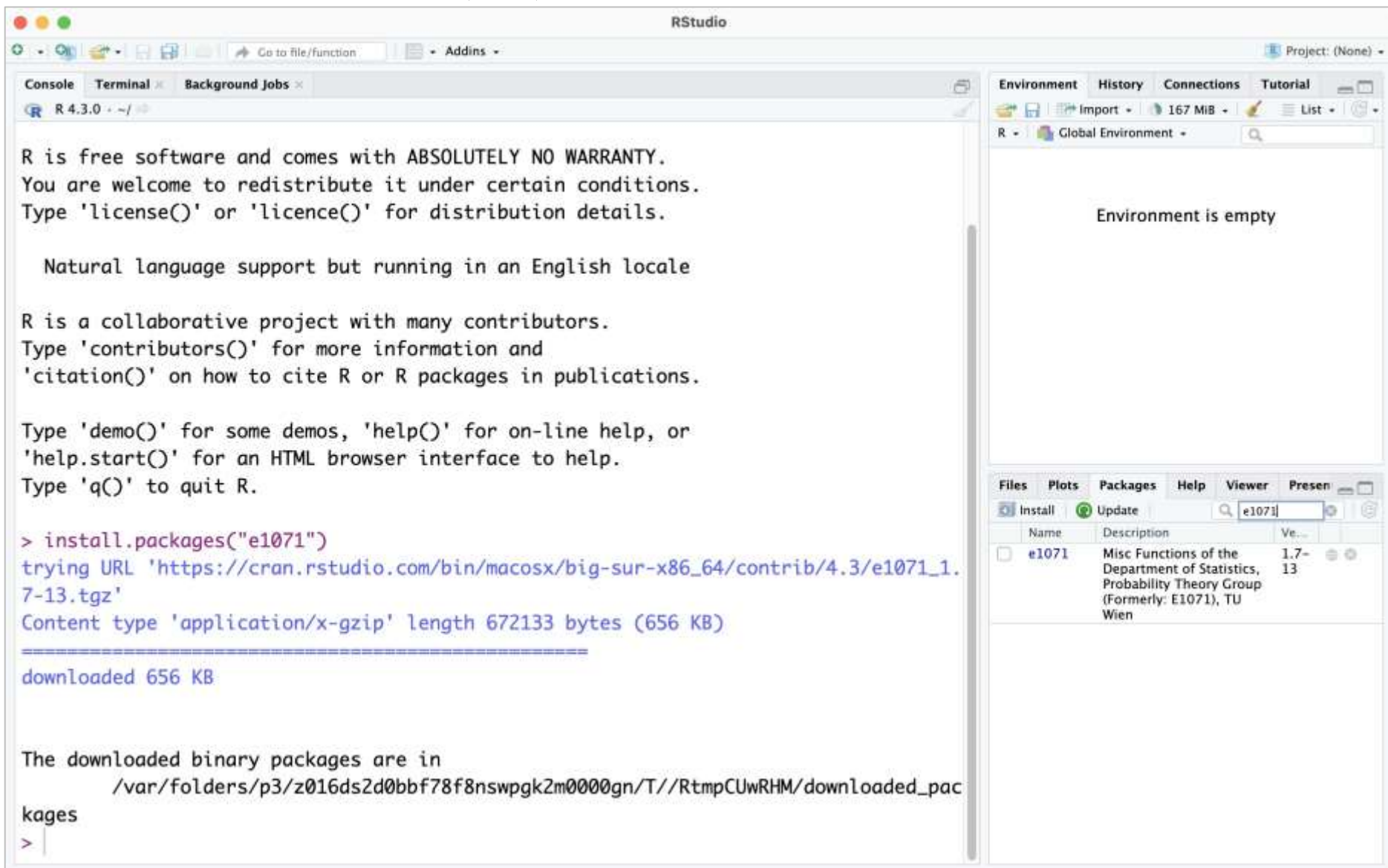
> install.packages("e1071")
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/macosx/big-sur-x86_64/contrib/4.3/e1071_1.7-13.tgz'
Content type 'application/x-gzip' length 672133 bytes (656 KB)

=====
downloaded 656 KB

The downloaded binary packages are in
  /var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T//RtmpCUwRHM/downloaded_packages
>
```



CRANのパッケージ 9



RStudio interface showing the installation of the 'e1071' package. The console output is as follows:

```
R 4.3.0 - ~/>
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

Natural language support but running in an English locale

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

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

> install.packages("e1071")
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/macosx/big-sur-x86_64/contrib/4.3/e1071_1.7-13.tgz'
Content type 'application/x-gzip' length 672133 bytes (656 KB)
=====
downloaded 656 KB

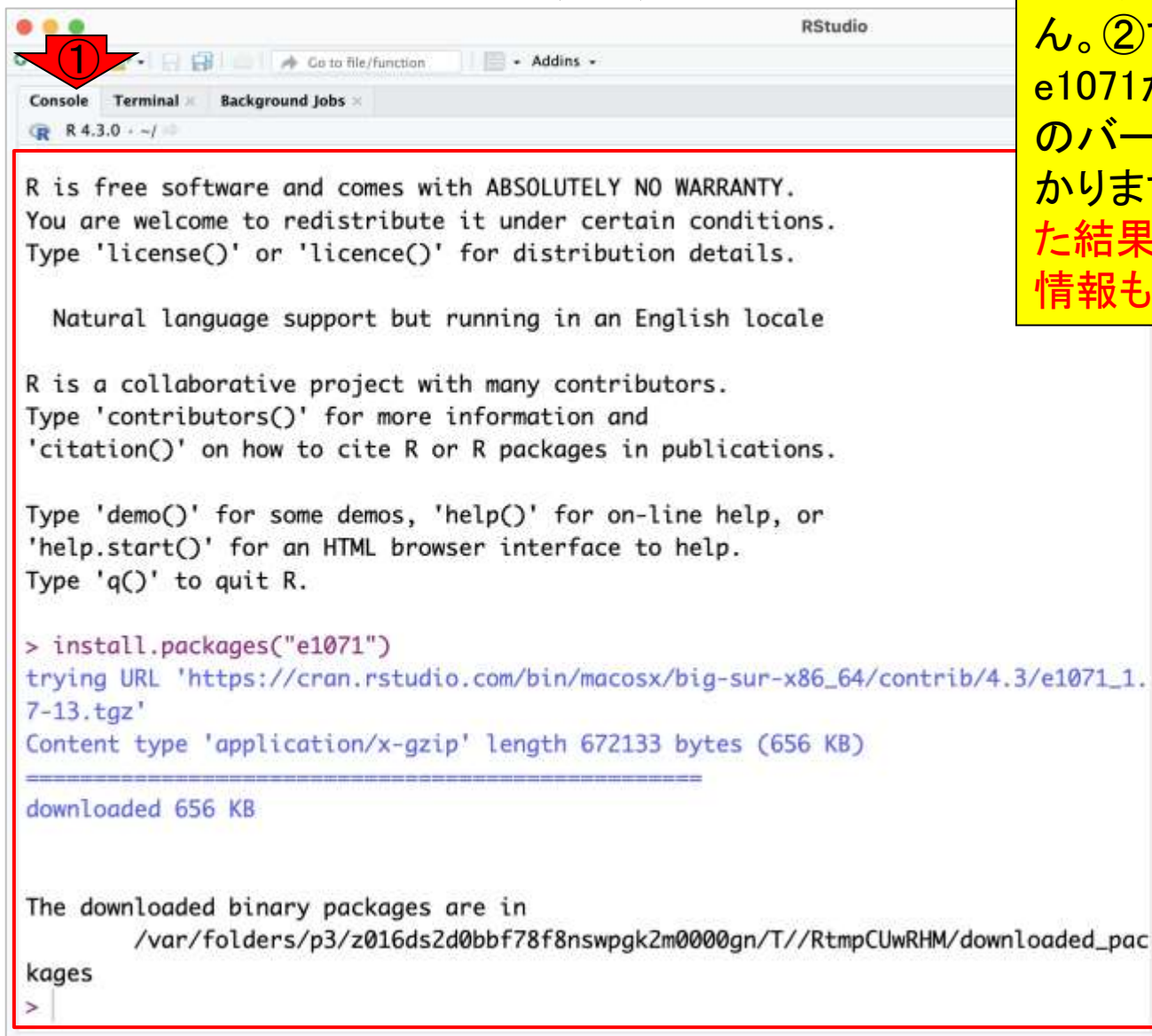
The downloaded binary packages are in
  /var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T//RtmpCUwRHM/downloaded_packages
>
```

The Environment pane shows "Environment is empty". The Packages pane shows the installed package:

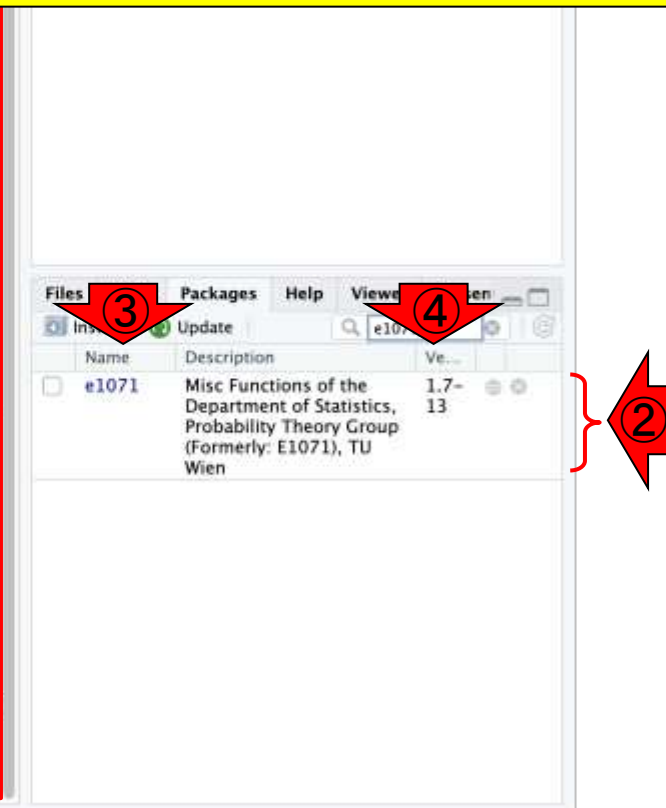
Name	Description	Version
<input type="checkbox"/> e1071	Misc Functions of the Department of Statistics, Probability Theory Group (Formerly: E1071), TU Wien	1.7-13

CRANのパッケージ 10

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



```
R 4.3.0 ~/  
  
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.  
You are welcome to redistribute it under certain conditions.  
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.  
  
Natural language support but running in an English locale  
  
R is a collaborative project with many contributors.  
Type 'contributors()' for more information and  
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.  
  
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or  
'help.start()' for an HTML browser interface to help.  
Type 'q()' to quit R.  
  
> install.packages("e1071")  
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/macosx/big-sur-x86_64/contrib/4.3/e1071_1.7-13.tgz'  
Content type 'application/x-gzip' length 672133 bytes (656 KB)  
=====  
downloaded 656 KB  
  
The downloaded binary packages are in  
  /var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T//RtmpCUwRHM/downloaded_packages  
>
```



Name	Description	Version
e1071	Misc Functions of the Department of Statistics, Probability Theory Group (Formerly: E1071), TU Wien	1.7-13

CRANのパッケージ 11

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

CRAN - Package e1071

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

e1071: Misc Functions of the Department of Statistics, Probability Theory Group (Formerly: Functions for latent class analysis, short time Fourier transform, fuzzy clustering, support bagged clustering, naive Bayes classifier, generalized k-nearest neighbour ...

Version: 1.7-13

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

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

Published: 2023-02-01

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

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

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

NeedsCompilation: yes

Materials: [NEWS](#)

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

CRAN checks: [e1071 results](#)

Documentation:

Reference manual: [e1071.pdf](#)

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

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

Contents

- 事前準備: 古いR本体とパッケージ群の削除(任意)
- R本体のインストール
- Macintosh環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- Macintosh環境設定(隠しファイルも表示する)
- RStudioのインストール
- Macintosh環境設定(Dockへの追加)
- RStudioの起動と終了
- Rパッケージ
 - CRANのパッケージのインストール
 - Bioconductorのパッケージのインストール
 - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

Bioconductorの... 1

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

The screenshot shows the Bioconductor website for the Biostrings package. The top navigation bar includes the Bioconductor logo (with a red arrow labeled 1 pointing to it), and links for Home, Install, Help, Developers, and About. The main content area displays the package name 'Biostrings' and various filters such as platforms, rank, support, in Bioc, build warnings, updated, and dependencies. The description of the package is 'Efficient manipulation of biological strings'. The authors and maintainers are listed, along with a citation. The right sidebar contains 'Documentation' and 'Support' sections. At the bottom, the URL 'https://bioconductor.org/packages/Biostrings' is shown with a red arrow labeled 2 pointing to it.

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

Bioconductorの... 2

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

```
RStudio

Console Terminal Background Jobs
R 4.3.0 ~/

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

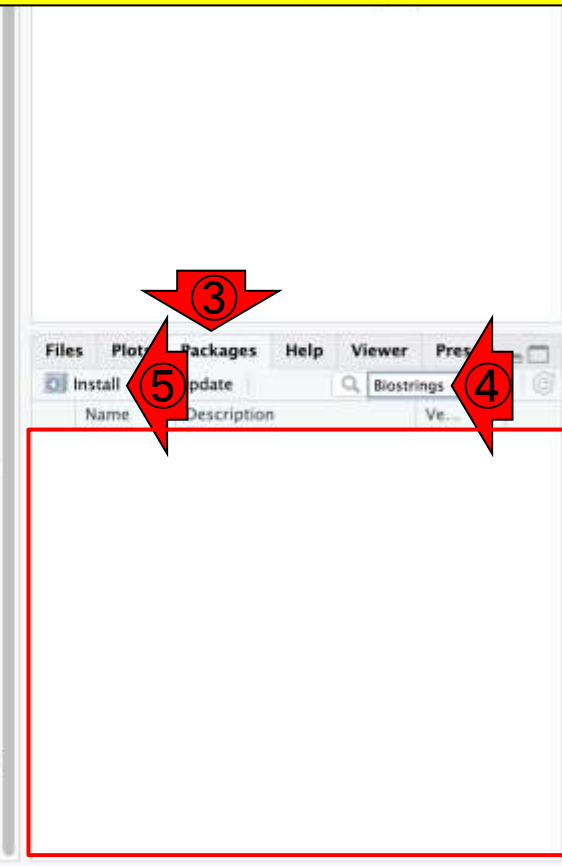
Natural language support but running in an English locale

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

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

> install.packages("e1071")
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/macosx/big-sur-x86_64/contrib/4.3/e1071_1.7-13.tgz'
Content type 'application/x-gzip' length 672133 bytes (656 KB)
=====
downloaded 656 KB

The downloaded binary packages are in
  /var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T//RtmpCUwRHM/downloaded_packages
>
```



Bioconductorの... 3

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

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY. You are welcome to redistribute it under certain conditions. Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

Natural language support but running in an English locale

R is a collaborative project with many contributors. Type 'contributors()' for more information and 'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

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

```
> install.packages("e1071")
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/macosx/macosx10.13.pkg/7-13.tgz'
Content type 'application/x-gzip' length 6711 KB
downloaded 656 KB
```

The downloaded binary packages are in
/var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T//RtmpCUwRHM/downloaded_packages

Install Packages dialog box:
Install from: Repository (CRAN) (1)
Packages to install (separate multiple with space or comma): Bios (2)
Bios2co
bios2mds
biosensors.usc
bioseq
biosignalEMG
bioSNR
biospear
biostat3
Biostatistics (656 KB)
BioStatR
biosurvey

Environment pane: Environment is empty

Bioconductorの... 4

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

The screenshot shows the RStudio interface with the R console and the Environment pane. The console displays the output of the `install.packages("e1071")` command, including the download of the binary package. An "Install Packages" dialog box is open, showing the "Repository (CRAN)" selected and "Biostrings" entered in the "Packages" field. The "Install" button is highlighted with a red arrow labeled "4".

```
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

Natural language support but running in an English locale

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

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

> install.packages("e1071")
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/linux/x86_64/packages/e1071_1.1.1.tar.gz'
Content type 'application/x-gzip' length 672133 bytes (656 KB)
=====
downloaded 656 KB

The downloaded binary packages are in
  /var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T//RtmpCUwRHM/downloaded_packages
>
```

Environment is empty

Files Plots Packages Help Viewer Presentations

Install Update Biostrings

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

Bioconductorの... 5

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

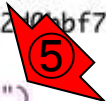
```
R 4.3.0 - ~/
R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

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

> install.packages("e1071")
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/macosx/big-sur-x86_64/contrib/4.3/e1071_1.7-13.tgz'
Content type 'application/x-gzip' length 672133 bytes (656 KB)
=====
downloaded 656 KB

The downloaded binary packages are in
  /var/folders/p3/z016ds2W0bf78f8nswpgk2m0000gn/T//RtmpCUwRHM/downloaded_packages
> install.packages("Biostings")
Warning in install.packages :
  package 'Biostings' is not available for this version of R

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



Bioconductorの... 6

①Bioconductor内の② Biostrings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 red arrow labeled '1' points to the Bioconductor logo. Another red arrow labeled '2' points to the URL 'https://bioconductor.org/packages/Biostrings' at the bottom of the page. A third red arrow labeled '3' points to the 'Documentation' section on the right side of the page.

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

Bioconductor
OPEN SOURCE SOFTWARE FOR BIOINFORMATICS

Home Install Help Developers About

Home » Bioconductor 3.17 » Software Packages » Biostrings

Biostrings

platforms all rank 10 / 2229 support 0 / 4 in Bioc > 18 years
build warnings updated < 1 month dependencies 17

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

Efficient manipulation of biological strings

Bioconductor version: Release (3.17)

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

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

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

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

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

Documentation »

Bioconductor

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

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

Support »

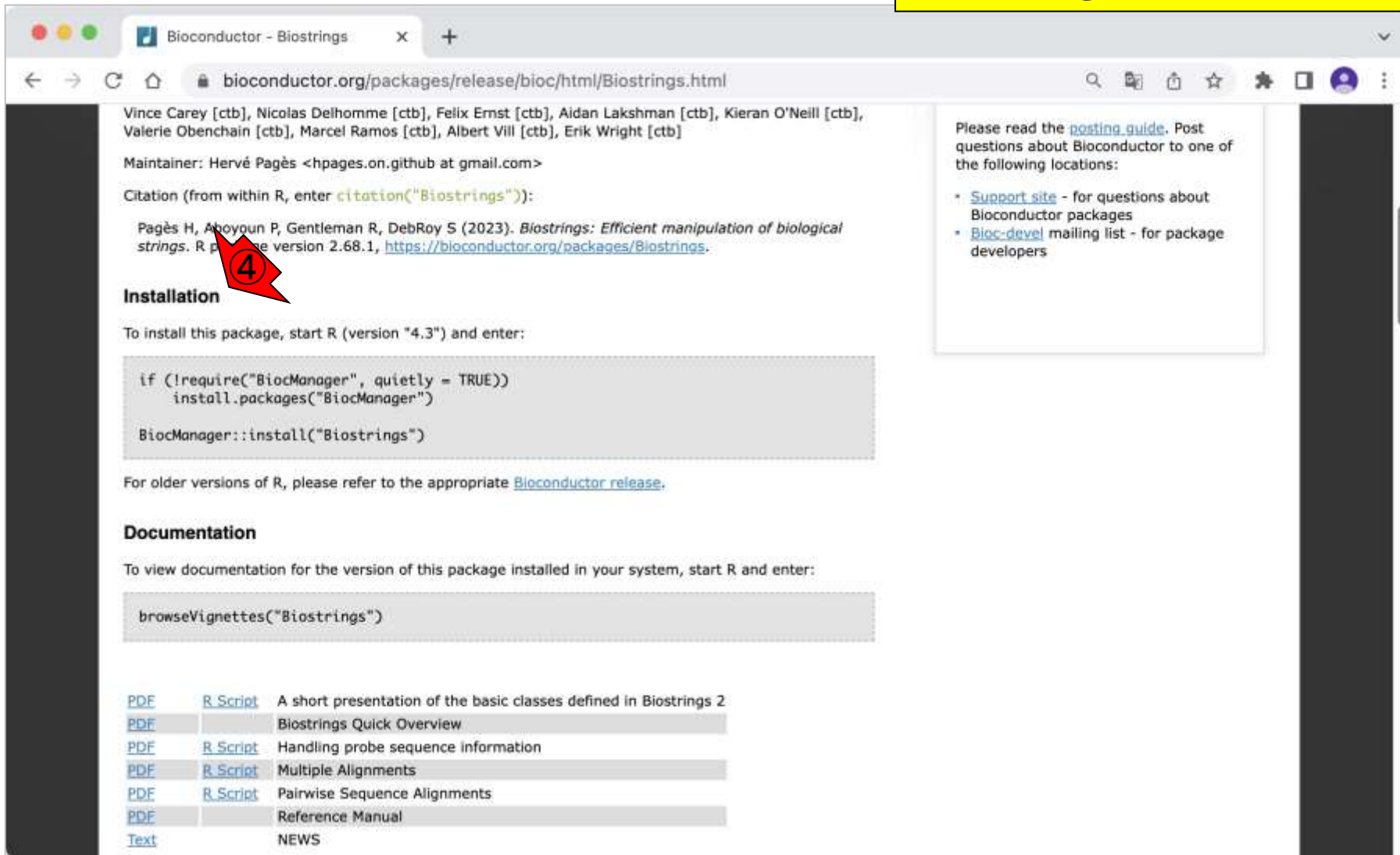
Please read the [posting guide](#). Post questions about Bioconductor to one of the following locations:

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

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

Bioconductorの... 7

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



Vince Carey [ctb], Nicolas Delhomme [ctb], Felix Ernst [ctb], Aidan Lakshman [ctb], Kieran O'Neill [ctb], Valerie Obenchain [ctb], Marcel Ramos [ctb], Albert Vill [ctb], Erik Wright [ctb]

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

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

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

Installation

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

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

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

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

Documentation

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

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

[PDF](#) [R Script](#) A short presentation of the basic classes defined in Biostrings 2

[PDF](#) Biostrings Quick Overview

[PDF](#) [R Script](#) Handling probe sequence information

[PDF](#) [R Script](#) Multiple Alignments

[PDF](#) [R Script](#) Pairwise Sequence Alignments

[PDF](#) Reference Manual

[Text](#) NEWS

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

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

Bioconductorの... 8

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

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

Vince Carey [ctb], Nicolas Delhomme [ctb], Felix Ernst [ctb], Aidan Lakshman [ctb], Kieran O'Neill [ctb], Valerie Obenchain [ctb], Marcel Ramos [ctb], Albert Vill [ctb], Erik Wright [ctb]

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

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

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

Installation

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

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

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

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

Documentation

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

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

[PDF](#) [R Script](#) A short presentation of the basic classes defined in Biostrings 2

[PDF](#) Biostrings Quick Overview

[PDF](#) [R Script](#) Handling probe sequence information

[PDF](#) [R Script](#) Multiple Alignments

[PDF](#) [R Script](#) Pairwise Sequence Alignments

[PDF](#) Reference Manual

[Text](#) NEWS

Bioconductorの... 9

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

Bioconductor - Biostrings x +

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

Vince Carey [ctb], Nicolas Delhomme [ctb], Felix Ernst [ctb], Aidan Lakshman [ctb], Kieran O'Neill [ctb], Valerie Obenchain [ctb], Marcel Ramos [ctb], Albert Vill [ctb], Erik Wright [ctb]

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

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

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

Installation

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

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

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

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

Documentation

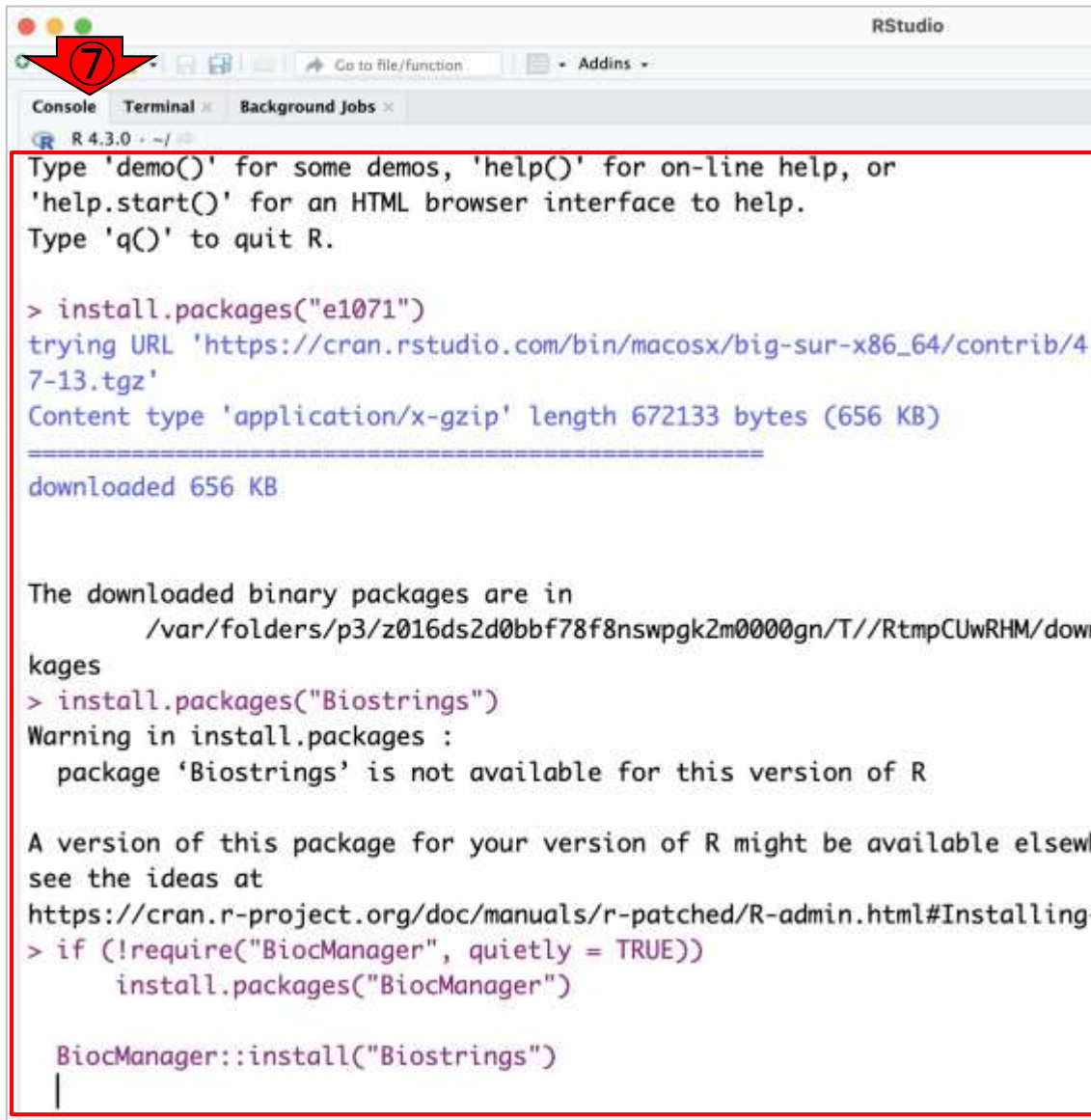
To view documentation for the version of this package installed in your system, start R and enter:

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

PDF	R Script	A short presentation of the basic classes defined in Biostrings 2
PDF		Biostrings Quick Overview
PDF	R Script	Handling probe sequence information
PDF	R Script	Multiple Alignments
PDF	R Script	Pairwise Sequence Alignments
PDF		Reference Manual
Text		NEWS

developers

Bioconductorの... 10



```
RStudio
Console Terminal Background Jobs
R 4.3.0 ~/
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> install.packages("e1071")
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/macosx/big-sur-x86_64/contrib/4.
7-13.tgz'
Content type 'application/x-gzip' length 672133 bytes (656 KB)

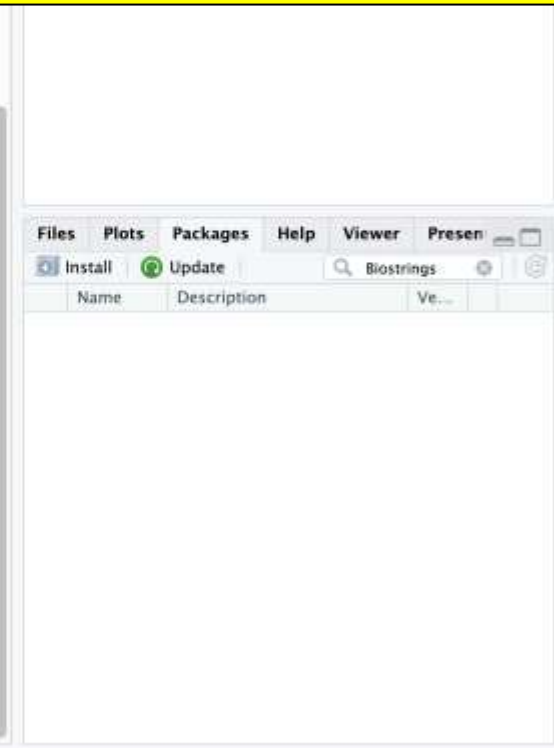
=====
downloaded 656 KB

The downloaded binary packages are in
  /var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T//RtmpCUwRHM/downloaded_packages
> install.packages("Biostrings")
Warning in install.packages :
  package 'Biostrings' is not available for this version of R

A version of this package for your version of R might be available elsewhere,
see the ideas at
https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html#Installing-packages
> if (!require("BiocManager", quietly = TRUE))
  install.packages("BiocManager")

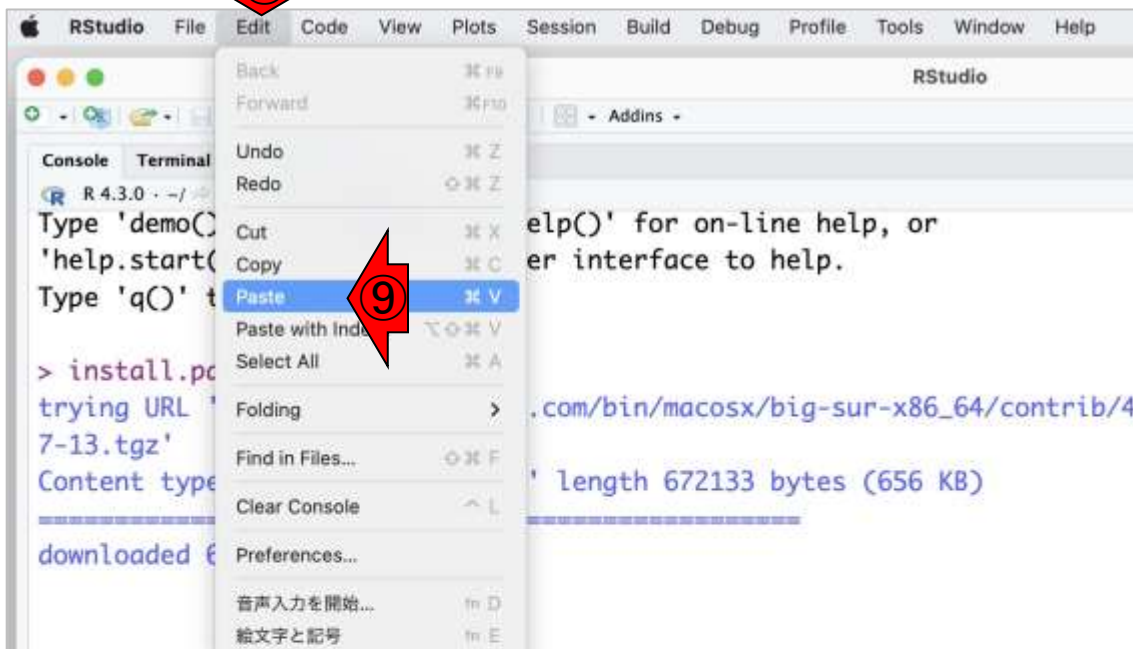
BiocManager::install("Biostrings")
|
```

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



Bioconductorの... 11

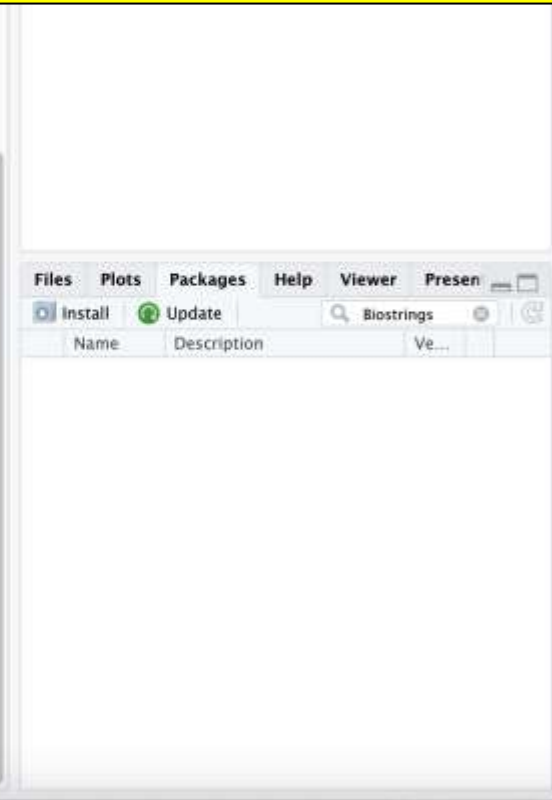
①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④Installationのところです。⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、Rを起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。この意味するところは、反転させた⑥のコマンドをコピーして、⑦Console画面の赤枠内でペーストせよ、ということです。(Console内で右クリック、Pasteを選択、または、) ⑧Edit、⑨Paste。



```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Window Help
Back Forward Undo Redo Cut Copy Paste Paste with Indent Select All Folding Find in Files... Clear Console Preferences...
Type 'demo()' for on-line help, or 'help.start()' for an HTML
Type 'q()' to quit the current
> install.packages("Biostrings")
trying URL 'http://www.bioconductor.org/bin/macosx/big-sur-x86_64/contrib/4.1/Biostrings_2.64.0.tgz'
Content type 'application/x-gzip' length 672133 bytes (656 KB)
downloaded 672 KB
The downloaded binary packages are in
  /var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T//RtmpCUwRHM/downloaded_packages
> install.packages("Biostrings")
Warning in install.packages :
  package 'Biostrings' is not available for this version of R

A version of this package for your version of R might be available elsewhere,
see the ideas at
https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html#Installing-packages
> if (!require("BiocManager", quietly = TRUE))
  install.packages("BiocManager")

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



Name	Description	Version
Install		
Update		

Bioconductorの... 12

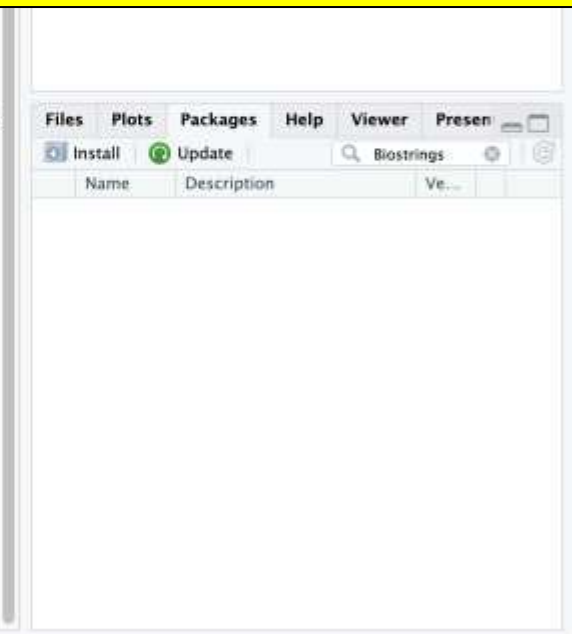
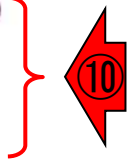
①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④Installationのところです。⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、Rを起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。この意味するところは、反転させた⑥のコマンドをコピーして、⑦Console画面の赤枠内でペーストせよ、ということです。(Console内で右クリック、Pasteを選択、または、) ⑧Edit、⑨Paste。⑩こんな感じになるので、リターンキーを押して実行。

```
RStudio
Go to file/function
Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.3.0 ~ /
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> install.packages("e1071")
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/macosx/big-sur-x86_64/contrib/4.
7-13.tgz'
Content type 'application/x-gzip' length 672133 bytes (656 KB)
=====
downloaded 656 KB
```

```
The downloaded binary packages are in
/var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T//RtmpCUwRHM/downloaded_packages
> install.packages("Biostrings")
Warning in install.packages :
package 'Biostrings' is not available for this version of R

A version of this package for your version of R might be available elsewhere,
see the ideas at
https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html#Installing-packages
> if (!require("BiocManager", quietly = TRUE))
  install.packages("BiocManager")
}
BiocManager::install("Biostrings")
|
```

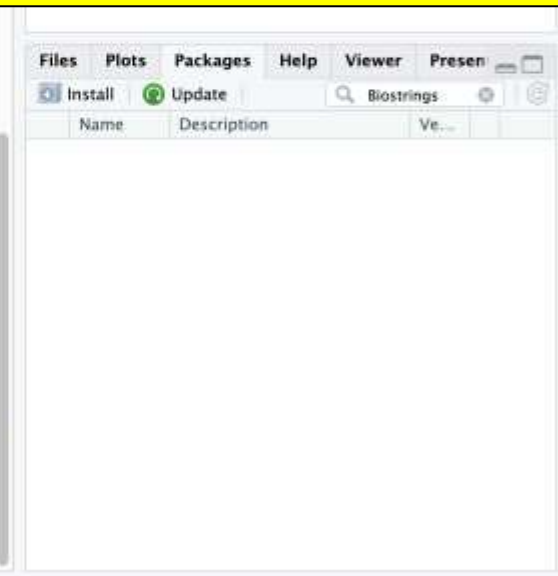


Bioconductorの... 13

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のところです。⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、Rを起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。この意味するところは、反転させた⑥のコマンドをコピーして、⑦Console画面の赤枠内でペーストせよ、ということです。(Console内で右クリック、Pasteを選択、または、) 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
Console Terminal Background Jobs
R 4.3.0 ~ / ~
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-
> if (!require("BiocManager", quietly = TRUE))
+   install.packages("BiocManager")
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/macosx/big-sur-x86_64/contrib/4.
ger_1.30.21.tgz'
Content type 'application/x-gzip' length 495371 bytes (483 KB)
=====
downloaded 483 KB

The downloaded binary packages are in
  /var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T//RtmpCUwRHM/downloaded_packages
>
> BiocManager::install("Biostrings")
'getOption("repos")' replaces Bioconductor standard repositories, see
'help("repositories", package = "BiocManager")' for details.
Replacement repositories:
  CRAN: https://cran.rstudio.com/
Bioconductor version 3.17 (BiocManager 1.30.21), R 4.3.0 (2023-04-21)
Installing package(s) 'BiocVersion', 'Biostrings'
also installing the dependencies 'bitops', 'zlibbioc', 'RCurl', 'GenomeInfoDbData',
'BiocGenerics', 'S4Vectors', 'IRanges', 'XVector', 'GenomeInfoDb', 'crayon'
```



Bioconductorの... 14

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

```
R 4.3.0 ~/  
installing the source package 'GenomeInfoDbData'  
  
trying URL 'https://bioconductor.org/packages/3.17/data/annotation/src/contrib/GenomeInfoDbData_1.2.10.tar.gz'  
Content type 'application/x-gzip' length 12026674 bytes (11.5 MB)  
=====  
downloaded 11.5 MB  
  
* installing *source* package 'GenomeInfoDbData' ...  
** using staged installation  
** data  
** inst  
** help  
*** installing help indices  
** building package indices  
** testing if installed package can be loaded from temporary location  
** testing if installed package can be loaded from final location  
** testing if installed package keeps a record of temporary installation path  
* DONE (GenomeInfoDbData)  
  
The downloaded source packages are in  
  '/private/var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T/RtmpCUwRHM/downloaded_packages'  
Old packages: 'class', 'KernSmooth', 'MASS', 'Matrix', 'nnet'  
Update all/some/none? [a/s/n]:  
Update all/some/none? [a/s/n]:  
|
```



Bioconductorの... 15

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

```
trying URL 'https://bioconductor.org/packages/3.17/data/annotation/src/contrib/GenomeInfoDbData_1.2.10.tar.gz'
Content type 'application/x-gzip' length 12026674 bytes (11.5 MB)
-----
downloaded 11.5 MB

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

The downloaded source packages are in
      '/private/var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T/RtmpCUwRHM/downloaded_packages'
Old packages: 'class', 'KernSmooth', 'MASS', 'Matrix', 'nnet'
Update all/some/none? [a/s/n]:
Update all/some/none? [a/s/n]:
n
>
```

Environment is empty

Name	Description	Ve...
------	-------------	-------

Bioconductorの... 16

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

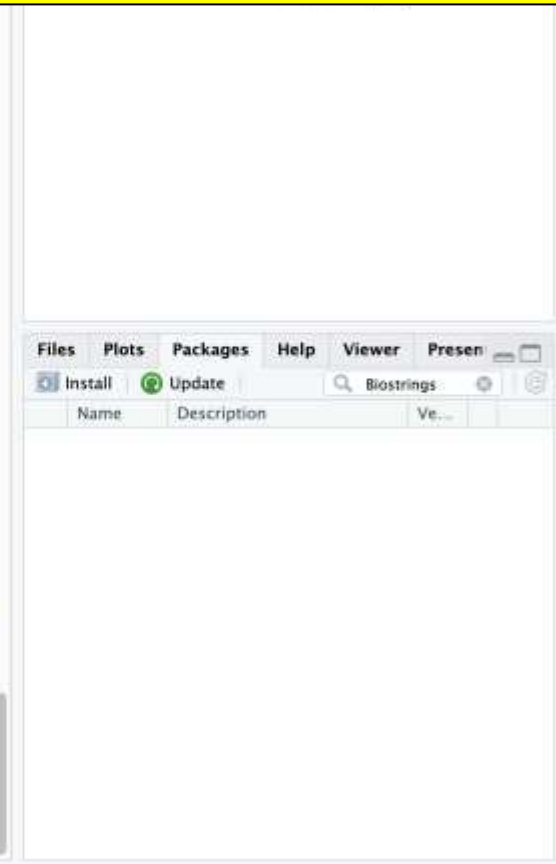
Console Terminal Background Jobs
R 4.3.0 ~ /

trying URL 'https://bioconductor.org/packages/3.17/data/annotation/src/contrib/GenomeInfoDbData_1.2.10.tar.gz'
Content type 'application/x-gzip' length 12026674 bytes (11.5 MB)

-----
downloaded 11.5 MB

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

The downloaded source packages are in
  '/private/var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T/RtmpCUwRHM/downloaded_packages'
Old packages: 'class', 'KernSmooth', 'MASS', 'Matrix', 'nnet'
Update all/some/none? [a/s/n]:
Update all/some/none? [a/s/n]:
n
>
```



Bioconductorの... 17

もし①赤枠内が何も変化ない場合は、②リロードボタンを押してみてください。

RStudio

Project: (None)

Environment History Connections Tutorial

Import 155 MiB List

R Global Environment

Environment is empty

Files Plots Packages Help Viewer Presentations

Install Update Biostrings

Name Description Version

```
trying URL 'https://bioconductor.org/packages/3.17/data/annotation/src/contrib/GenomeInfoDbData_1.2.10.tar.gz'
Content type 'application/x-gzip' length 12026674 bytes (11.5 MB)
-----
downloaded 11.5 MB

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

The downloaded source packages are in
  '/private/var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T/RtmpCUwRHM/downloaded_packages'
Old packages: 'class', 'KernSmooth', 'MASS', 'Matrix', 'nnet'
Update all/some/none? [a/s/n]:
Update all/some/none? [a/s/n]:
n
>
```

Bioconductorの... 18

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

The screenshot shows the RStudio interface. The console on the left displays the installation process for the GenomeInfoDbData package, including the download of a 11.5 MB tar.gz file and the installation of source code. The Environment pane on the right shows the Global Environment, which is currently empty. Below the Environment pane, the Packages pane shows the Biostrings package installed, with a red arrow pointing to the 'Update' button.

```
trying URL 'https://bioconductor.org/packages/3.17/data/annotation/src/contrib/GenomeInfoDbData_1.2.10.tar.gz'
Content type 'application/x-gzip' length 12026674 bytes (11.5 MB)
-----
downloaded 11.5 MB

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

The downloaded source packages are in
  '/private/var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T/RtmpCUwRHM/downloaded_packages'
Old packages: 'class', 'KernSmooth', 'MASS', 'Matrix', 'nnet'
Update all/some/none? [a/s/n]:
Update all/some/none? [a/s/n]:
n
>
```

Name	Description	Ve...
<input type="checkbox"/> Biostrin...	Efficient manipulation of biological strings	2.68.1

Bioconductorの... 19

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

The screenshot shows the RStudio interface. The console window on the left displays the output of an R command to install a Bioconductor package. The Environment pane on the right shows the installed packages, with a broom icon (labeled 1) used to clear the console.

```

trying URL 'https://bioconductor.org/packages/3.17/data/annotation/src/contrib/GenomeInfoDbData_1.2.10.tar.gz'
Content type 'application/x-gzip' length 12026674 bytes (11.5 MB)
-----
downloaded 11.5 MB

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

The downloaded source packages are in
  '/private/var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T/RtmpCUwRHM/downloaded_packages'
Old packages: 'class', 'KernSmooth', 'MASS', 'Matrix', 'nnet'
Update all/some/none? [a/s/n]:
Update all/some/none? [a/s/n]:
n
>
  
```

The Environment pane shows the following packages:

Name	Description	Version
Biostrin...	Efficient manipulation of biological strings	2.68.1

Bioconductorの... 20

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

The screenshot shows the RStudio interface. The console on the left is empty with a prompt '>'. The Environment pane on the right shows the following R code:

```
library(MBCluster.Seq)
remove.packages("MBCluster.Seq")
install.packages("~/Downloads/...")
install.packages("e1071")
library(e1071)
remove.packages("e1071")
install.packages("e1071")
install.packages("Biostrings")
if (!require("BiocManager", quiet=TRUE))
  install.packages("BiocManager")
BiocManager::install("Biostrings...")
```

Below the code, the Packages pane shows a table with the following data:

Name	Description	Ve...
<input type="checkbox"/> Biostrin...	Efficient manipulation of biological strings	2.68.1

Bioconductorの... 21

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

The screenshot shows the RStudio interface. In the center, a dialog box titled "Confirm Clear History" asks "Are you sure you want to clear all history entries?". It has "No" and "Yes" buttons. A red arrow with the number 5 points to the "Yes" button. On the right side, the "History" tab is open, showing a list of executed R commands. A red arrow with the number 4 points to the "History" tab header. A red arrow with the number 3 points to the top of the History tab area.

```
Environment History Connections Tut...
To Console To Source
library(MBCluster.seq)
remove.packages("MBCluster.seq")
installed.packages("~/Downloads/...
install.packages("~/Downloads/MB...
install.packages("e1071")
library(e1071)
remove.packages("e1071")
install.packages("e1071")
install.packages("Biostings")
if (!require("BiocManager", quie...
install.packages("BiocManager")
BiocManager::install("Biostings...
```

Files	Plots	Packages	Help	Viewer	Present
Install	Update	Biostings			
Name	Description	Ve...			
Biostri...	Efficient manipulation of biological strings	2.68.1			

Bioconductorの... 22

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 main console area is empty, showing the R prompt '>'. The History tab is currently empty. The Environment tab shows the 'Biostrings' package installed and updated to version 2.68.1.

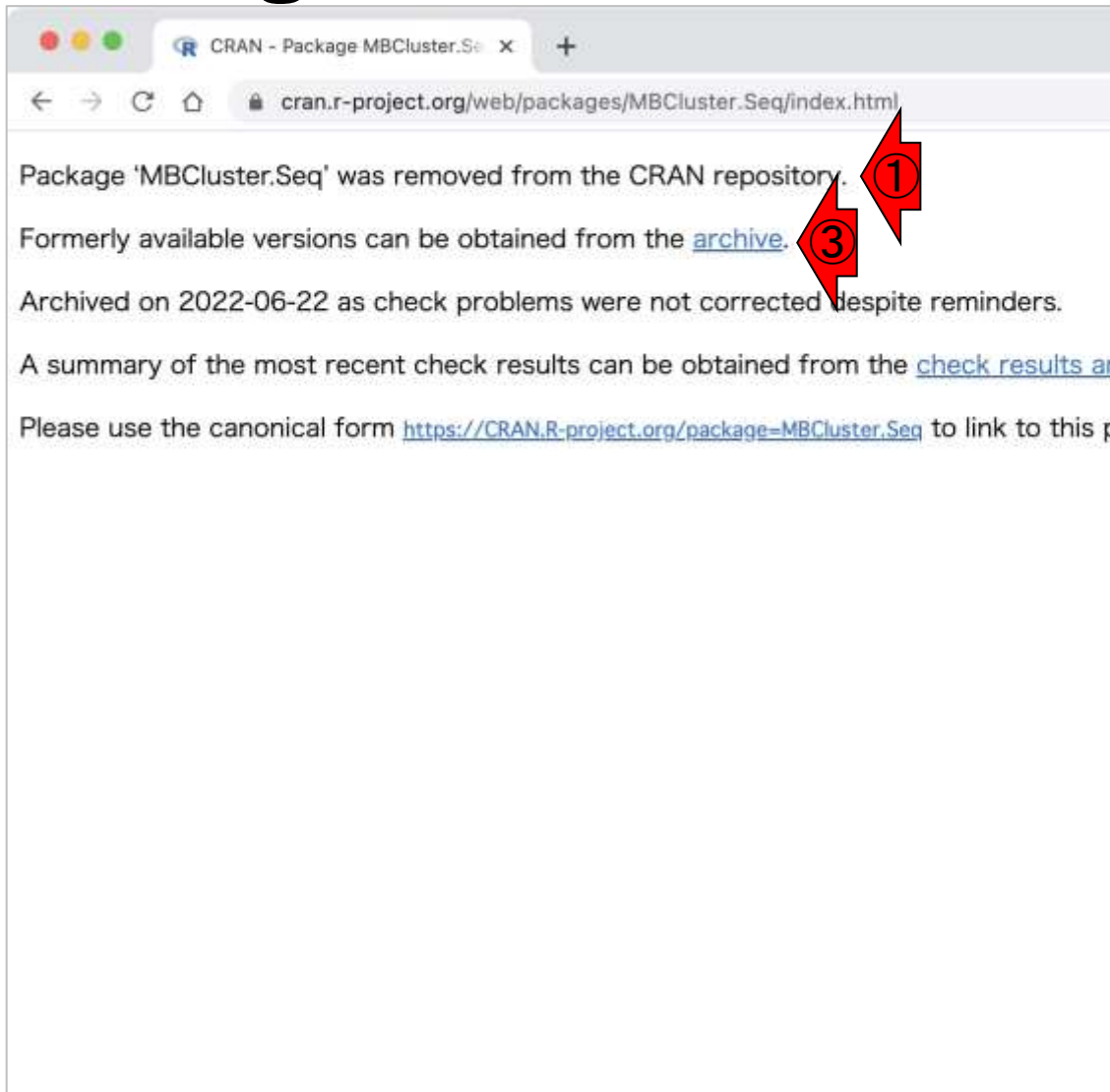
Name	Description	Ve...
Biostrin...	Efficient manipulation of biological strings	2.68.1

Contents

- 事前準備: 古いR本体とパッケージ群の削除(任意)
- R本体のインストール
- Macintosh環境設定(登録されている拡張子も表示する)
- Macintosh環境設定(隠しファイルも表示する)
- RStudioのインストール
- Macintosh環境設定(Dockへの追加)
- RStudioの起動と終了
- Rパッケージ
 - CRANのパッケージのインストール
 - Bioconductorのパッケージのインストール
 - .tar.gzファイルのインストール(余力のあるヒト向け)

.tar.gzファイルの... 1

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



<https://CRAN.R-project.org/package=MBCluster.Seq> ②

.tar.gzファイルの... 2

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。(この例ではダウンロードフォルダに保存しました。)

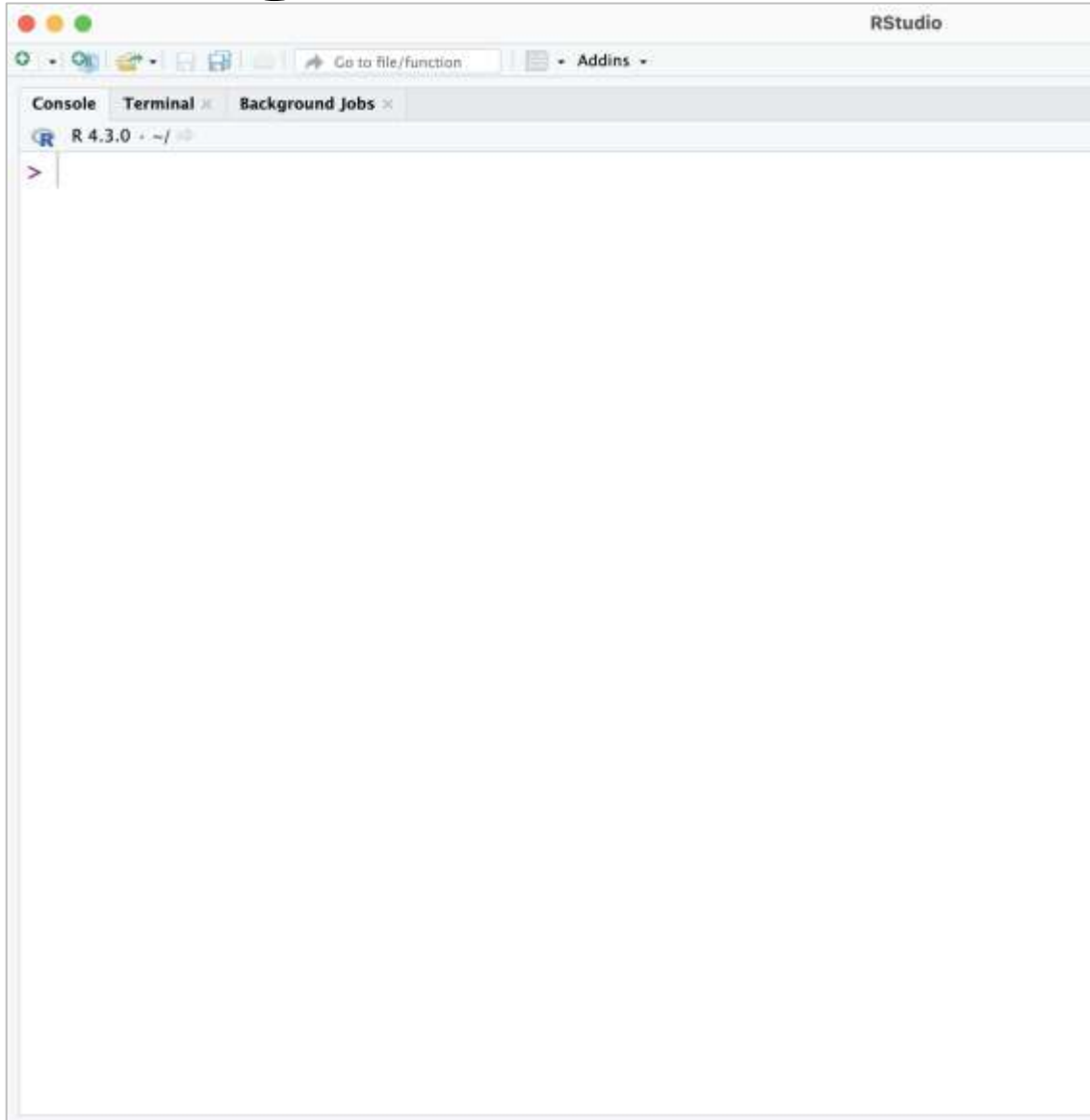
Index of /src/contrib/Archive/MBCluster

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

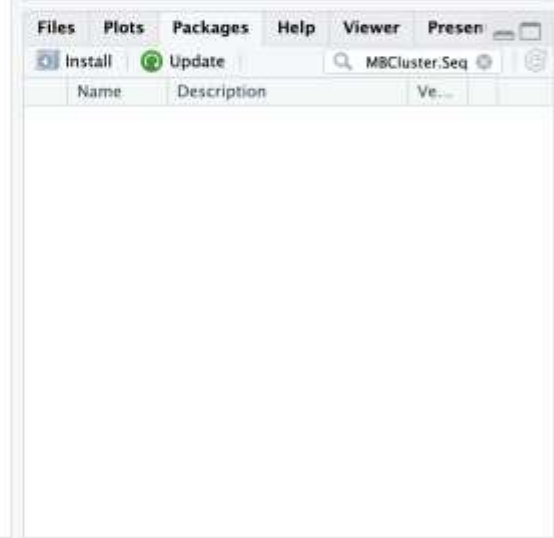
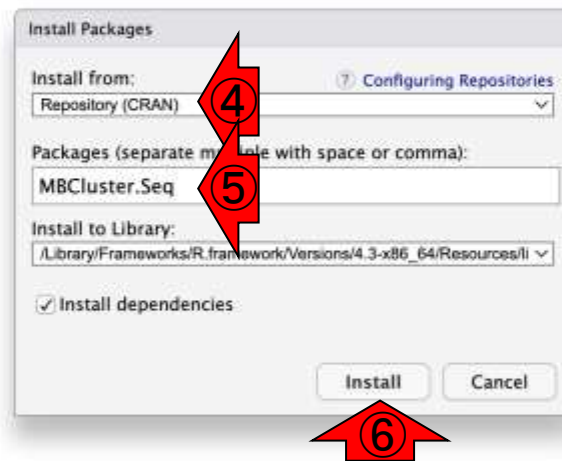
.tar.gzファイルの... 3

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



.tar.gzファイルの... 4

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



.tar.gzファイルの... 5

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

The screenshot shows the RStudio interface with the following elements:

- Console:** Shows the command `install.packages("MBCluster.Seq")` being executed. A red arrow labeled ① points to this command. Below it, a warning message is displayed: `Warning in install.packages : package 'MBCluster.Seq' is not available for this version of R`. A red arrow labeled ② points to this warning message. Below the warning, a message states: `A version of this package for your version of R might be available elsewhere, see the ideas at https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html#Installing-packages`.
- Environment/History/Connections/Tutorial:** Shows the command `install.packages("MBCluster.Seq")` in the History pane.
- Packages Pane:** Shows the package `MBCluster.Seq` with an `Install` button and an `Update` button. A red arrow labeled ③ points to the package name.

.tar.gzファイルの... 6

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

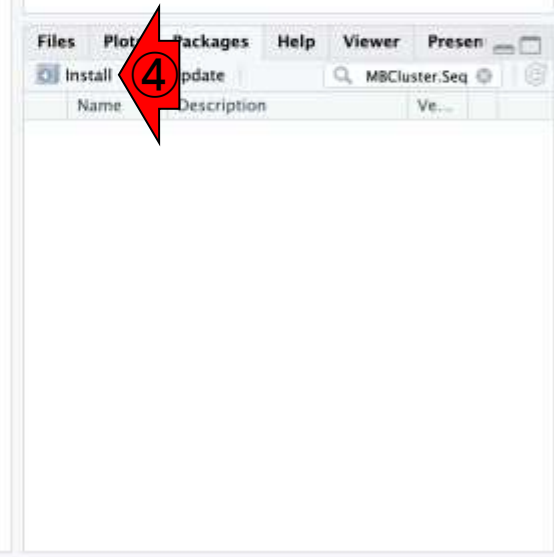
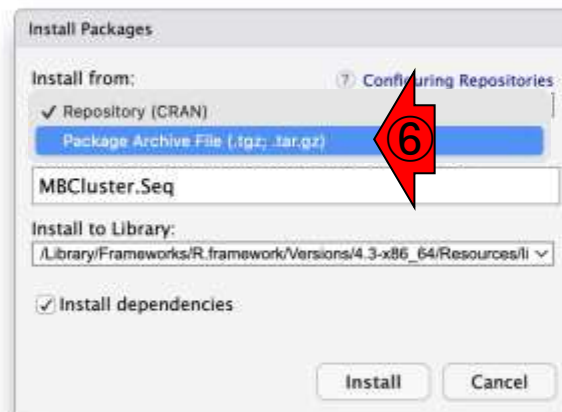
The screenshot shows the RStudio interface. In the center, the 'Install Packages' dialog box is open. It has the following fields and options:

- Install from:** A dropdown menu set to 'Repository (CRAN)'. A red lightning bolt with the number '5' points to this dropdown.
- Configuring Repositories:** A link icon next to the dropdown.
- Packages (separate multiple with space or comma):** A text input field containing 'MBCluster.Seq'.
- Install to Library:** A dropdown menu showing the default system library path.
- Install dependencies:** A checked checkbox.
- Buttons:** 'Install' and 'Cancel' buttons at the bottom.

In the background, the 'Packages' pane is visible. It has a menu bar with 'Files', 'Plot', 'Packages', 'Help', 'Viewer', and 'Present'. Below the menu bar, there are buttons for 'Install' and 'Update'. A red lightning bolt with the number '4' points to the 'Install' button. Below the buttons is a search bar containing 'MBCluster.Seq' and a table with columns 'Name', 'Description', and 'Ve...'. The table is currently empty.

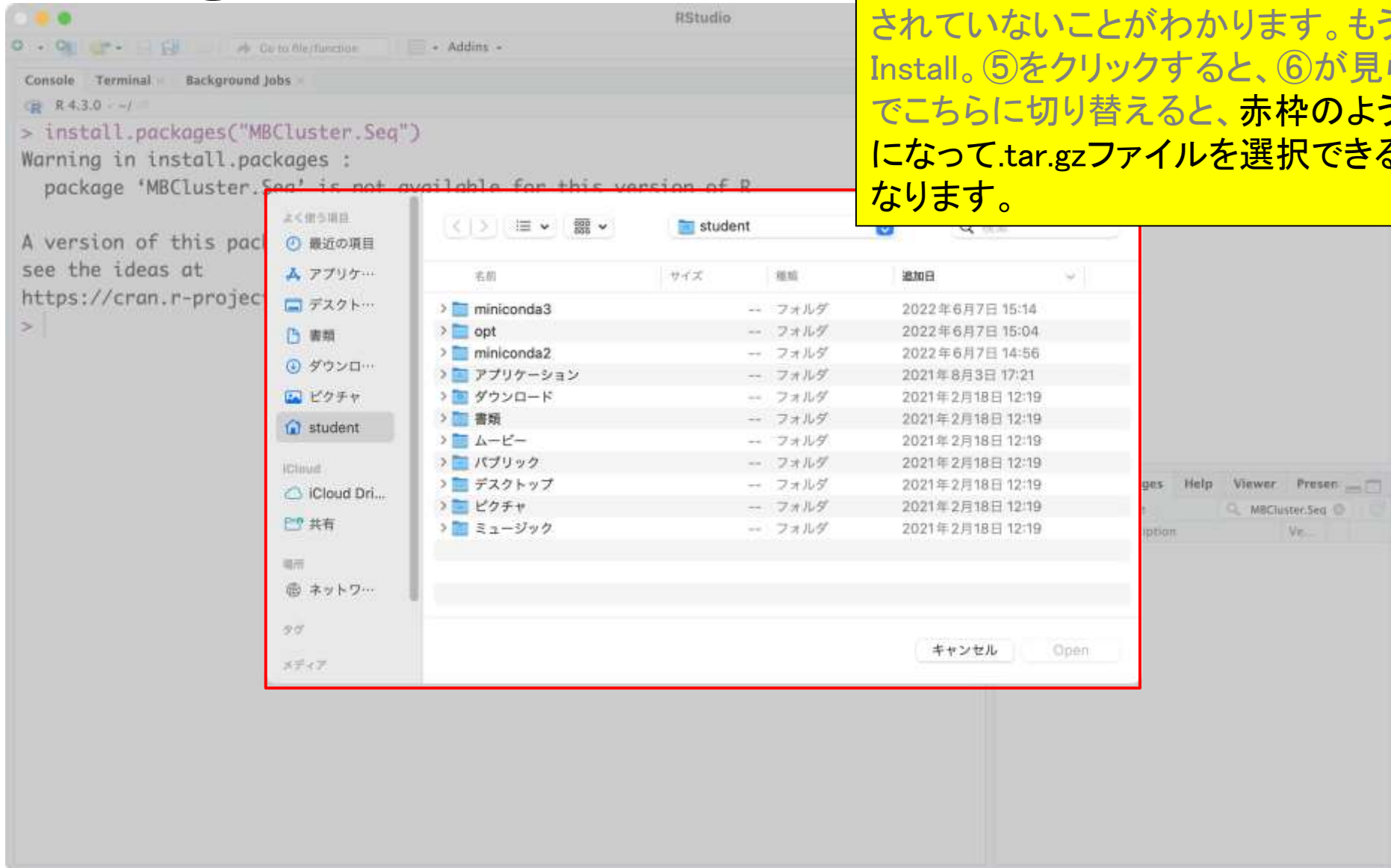
.tar.gzファイルの... 7

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



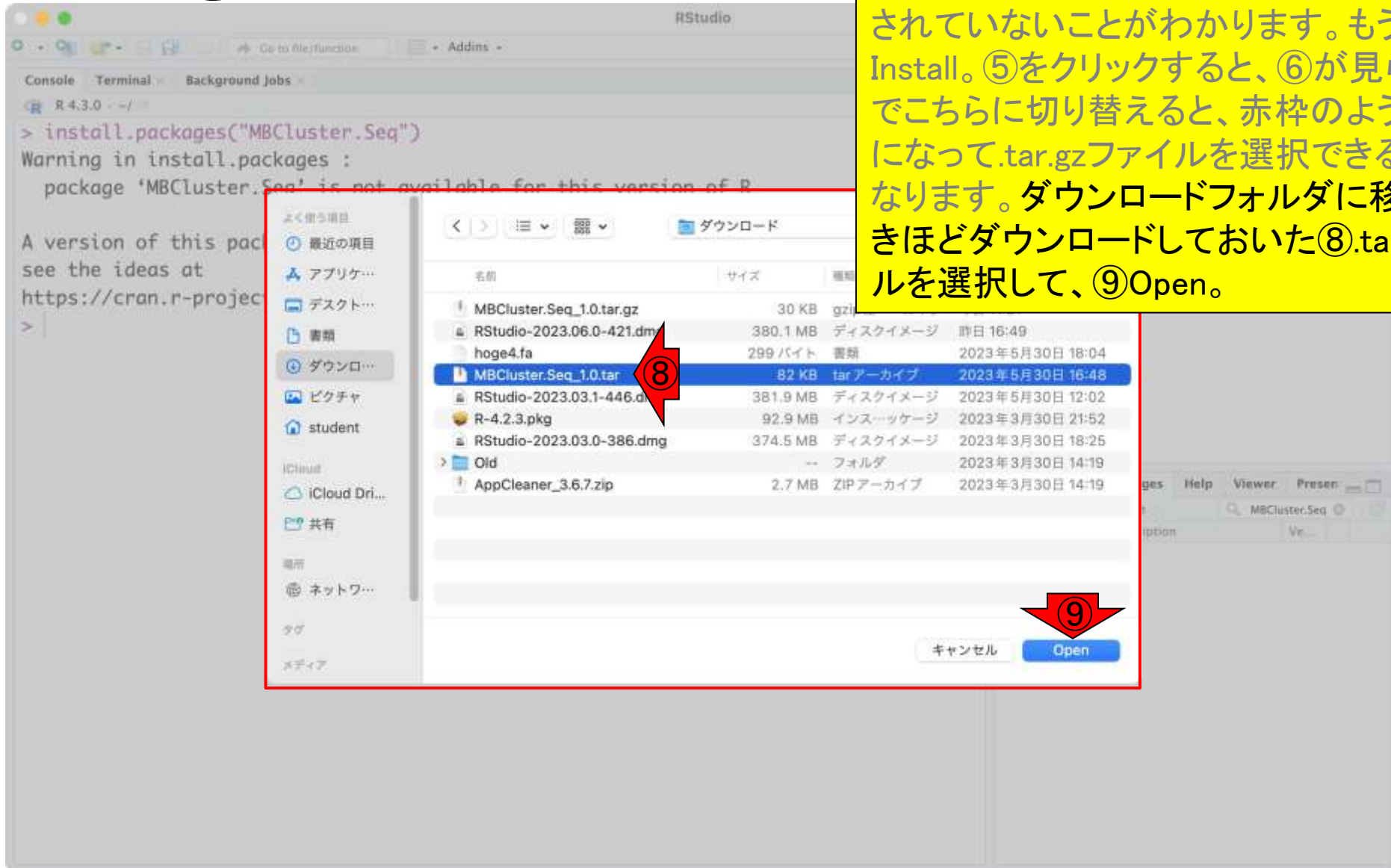
.tar.gzファイルの... 8

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



.tar.gzファイルの... 9

①のコマンドが実行されましたが、②not availableからもわかるように、③リロードしてもMBCluster.Seqパッケージがインストールされていないことがわかります。もう1度④Install。⑤をクリックすると、⑥が見られるのでこちらに切り替えると、赤枠のような状態になります。ダウンロードフォルダに移動し、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... 10

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

RStudio

Console Terminal Background Jobs

```
R 4.3.0 ~/  
> install.packages("MBCluster.Seq")  
Warning in install.packages :  
package 'MBCluster.Seq' is not available for this version of R  
  
A version of this package for your version of R might be available elsewhere,  
see the ideas at  
https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html#Installing-packages  
>
```

Environment History Connections Tutorial

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

Files Plots Packages Help Viewer Presentations

Install Update MBCluster.Seq

Name	Description	Ve...
------	-------------	-------

Install Packages

Install from:
Package Archive File (.tgz, .tar.gz)

Package archive:
~/Downloads/MBCluster.Seq_1.0.tar Browse...

Install to Library:
/Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.3-x86_64/Resources/lib

Install Cancel

.tar.gzファイルの... 11

こんな感じになって、先ほど指定した
①.tar.gzファイルの完全パス情報がここに記
載されます。②Install。さきほどまでの作業
は、③のコマンド入力に相当します。しかし、
④エラーになってしまいました。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

```
R 4.3.0 - ~/
```

```
> install.packages("MBCcluster.Seq")
Warning in install.packages :
  package 'MBCcluster.Seq' is not available for this version of R

A version of this package for your version of R might be available elsewhere,
see the ideas at
https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html#Installing-packages
> install.packages("~/Downloads/MBCcluster.Seq_1.0.tar", repos = NULL)
Error in install.packages : type == "both" cannot be used with 'repos = NULL'
>
```

The right-hand pane shows the package manager interface with the following content:

```
install.packages("MBCcluster.Seq")
install.packages("~/Downloads/MBCcluster.Seq_1.0.tar", repos = NULL)
```

The package manager interface also shows the following table:

Name	Description	Version
MBCcluster.Seq		

.tar.gzファイルの... 12

こんな感じになって、先ほど指定した
①.tar.gzファイルの完全パス情報がここに記載されます。②Install。さきほどまでの作業は、③のコマンド入力に相当します。しかし、④エラーになってしまいました。⑤上矢印↑を押下して直前の入力を表示し、

```
RStudio
Go to file/function
Addins
Console Terminal Background Jobs
R 4.3.0 ~/
> install.packages("MBCCluster.Seq")
Warning in install.packages :
  package 'MBCCluster.Seq' is not available for this version of R

A version of this package for your version of R might be available elsewhere,
see the ideas at
https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html#Installing-packages
> install.packages("~/Downloads/MBCCluster.Seq_1.0.tar", repos = NULL)
Error in install.packages : type == "both" cannot be used with 'repos = NULL'
> install.packages("~/Downloads/MBCCluster.Seq_1.0.tar", repos = NULL)|
```

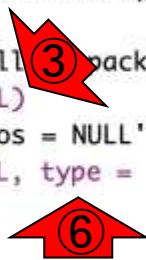


```
install.packages("~/Downloads/MBCCluster.Seq_1.0.tar", repos = NULL)
Install Update MBCCluster.Seq
Name Description Ve...
```

.tar.gzファイルの... 13

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。しかし、④エラーになってしまいました。⑤上矢印↑を押下して直前の入力を表示し、⑥type = "source" を追記して、Enterを押下します。

```
RStudio  
Console Terminal Background Jobs  
R 4.3.0 ~/  
> install.packages("MBCluster.Seq")  
Warning in install.packages :  
  package 'MBCluster.Seq' is not available for this version of R  
  
A version of this package for your version of R might be available elsewhere,  
see the ideas at  
https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html#Installing-packages  
> install.packages("~/Downloads/MBCluster.Seq_1.0.tar", repos = NULL)  
Error in install.packages : type == "both" cannot be used with 'repos = NULL'  
> install.packages("~/Downloads/MBCluster.Seq_1.0.tar", repos = NULL, type =  
  "source")
```



The screenshot shows the RStudio interface's Packages pane. At the top, there are tabs for 'Files', 'Plots', 'Packages', 'Help', 'Viewer', and 'Presentations'. Below these tabs, there are buttons for 'Install' and 'Update'. A search bar contains the text 'MBCluster.Seq'. Below the search bar is a table with columns for 'Name', 'Description', and 'Version'. The table is currently empty.

.tar.gzファイルの... 14

①のあたりのsuccessfullyという単語や、②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。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Console:** Displays the R command `install.packages("MBCluster.Seq")` and its output. A warning message states that the package is not available for this version of R. The user then runs `install.packages("~/Downloads/MBCluster.Seq_1.0.tar", repos = NULL)`, which fails with an error. Finally, the user runs `install.packages("~/Downloads/MBCluster.Seq_1.0.tar", repos = NULL, type = "source")`, which succeeds. The output includes the text: `* installing *source* package 'MBCluster.Seq' ...`, `** package 'MBCluster.Seq' successfully unpacked and MD5 sums checked`, and `** using staged installation`. A red arrow labeled ① points to the `** package 'MBCluster.Seq' successfully unpacked and MD5 sums checked` line.
- Environment:** Shows the command `install.packages("MBCluster.Seq")` and the file path `~/Downloads/MBCluster.Seq_1.0.tar`.
- Packages:** A table lists the installed packages. A red arrow labeled ② points to the entry for `MBCluster.Seq`.

Name	Description	Version
MBCluster.Seq	Model-Based Clustering for RNA-seq Data	1.0