

Rのインストール for Mac

ダウンロード

- ① <http://cran.r-project.org/> にアクセスする。
- ② Download R for (Mac) OS X をクリックする。
- ③ R-3.1.0-snowleopard.pkg をクリックする。

R-3.1.0-mavericks.pkg をインストールすると、Bioconductor および CRAN の一部のパッケージを利用できない。そのため、Mac OS X のバージョンに関わらず R-3.1.0-snowleopard.pkg をダウンロードしてインストールしてください。

2014/5/14 現在

The Comprehensive R Archive Network

Download and Install R

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

- [Download R for Linux](#)
- [Download R for \(Mac\) OS X](#)
- [Download R for Windows](#)

R is part of many Linux distributions, y
link above.

Files:

[R-3.1.0-snowleopard.pkg](#)

MD5-hash: 60f9713fbb4c2868771de60ed3882009
SHA1-hash: 7943746b409897fc5c9ec5fb21e103c766b4ecfe
(ca. 68MB)

R 3.1.0 binary for Mac OS X 10.6 (Snow Leopard) and higher, signed package. Contains R 3.1.0 framework, R.app GUI 1.64 in 64-bit for Intel Macs. The above file is an Installer package which can be installed by double-clicking. Depending on your browser, you may need to press the control key and click on this link to download the file.

This package contains the R framework, 64-bit GUI (R.app) and Tcl/Tk 8.6.0 X11 libraries. The latter component is optional and can be omitted when choosing "custom install", it is only needed if you want to use the `tcltk` R package. GNU Fortran is **NOT** included (needed if you want to compile packages from sources that contain FORTRAN code) please see [the tools directory](#).

[R-3.1.0-mavericks.pkg](#)

MD5-hash: 06c5465ef290b64efe25ac32790e816e
SHA1-hash: 5d1b93ab3569b7f126fb9ec7e196ef52134f9105
(ca. 55MB)

R 3.1.0 binary for Mac OS X 10.9 (Mavericks) and higher, signed package. It contains the same software versions as above, but this R build has been built with Xcode 5 to leverage new compilers and functionalities in Mavericks not available in earlier OS X versions.

[Mac-GUI-1.62.tar.gz](#)

MD5-hash: 225271d46ae22df01a1c0dad8a66b12a

Sources for the R.app GUI 1.62 for Mac OS X. This file is only needed if you want to join the development of the GUI, it is not intended for regular users. Read the INSTALL file for further instructions.

インストーラ実行

- ① ダウンロードしたファイルをダブルクリックして、実行する。
(ダウンロードしたファイルはダウンロードディレクトリに入っている。)



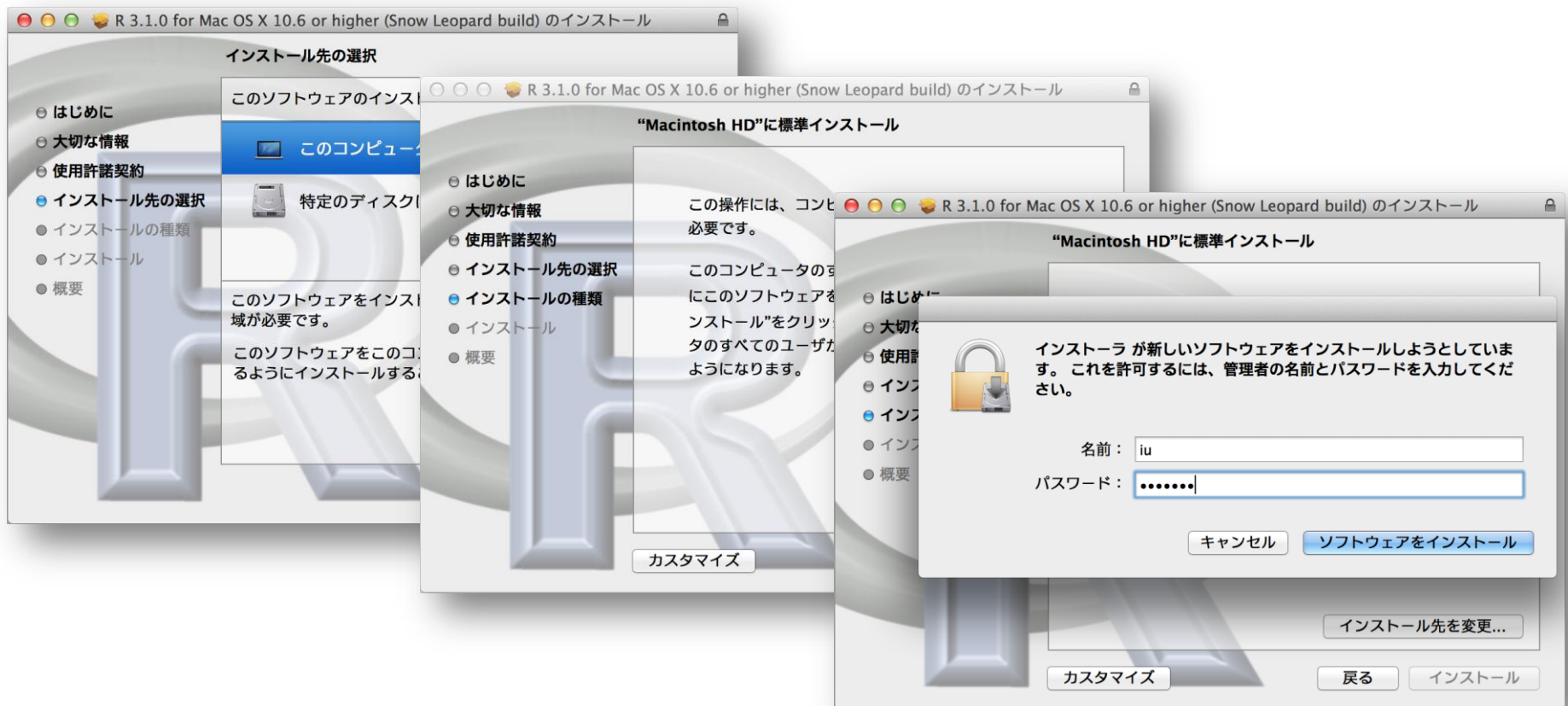
インストール確認

- ① 指示された通りに、「続ける」ボタンをクリックして、インストールを行う。
- ② ソフトウェア使用許諾契約への同意が求められるので「同意する」ボタンをクリックする。



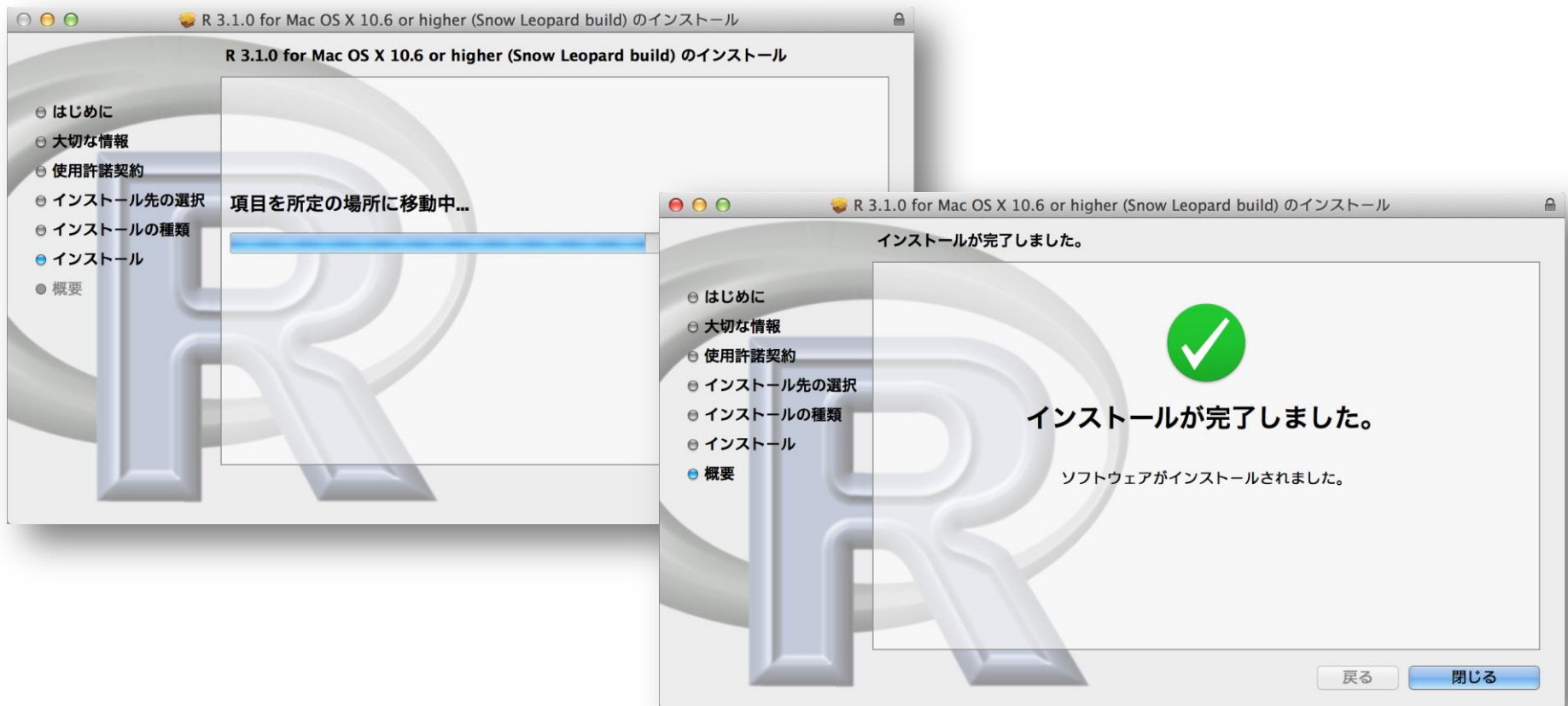
インストール

- ① 「インストール」 ボタンをクリックしてインストールを開始する。
- ② 管理者の名前とパスワードが求められるので、入力して「ソフトウェアをインストール」をクリックする。



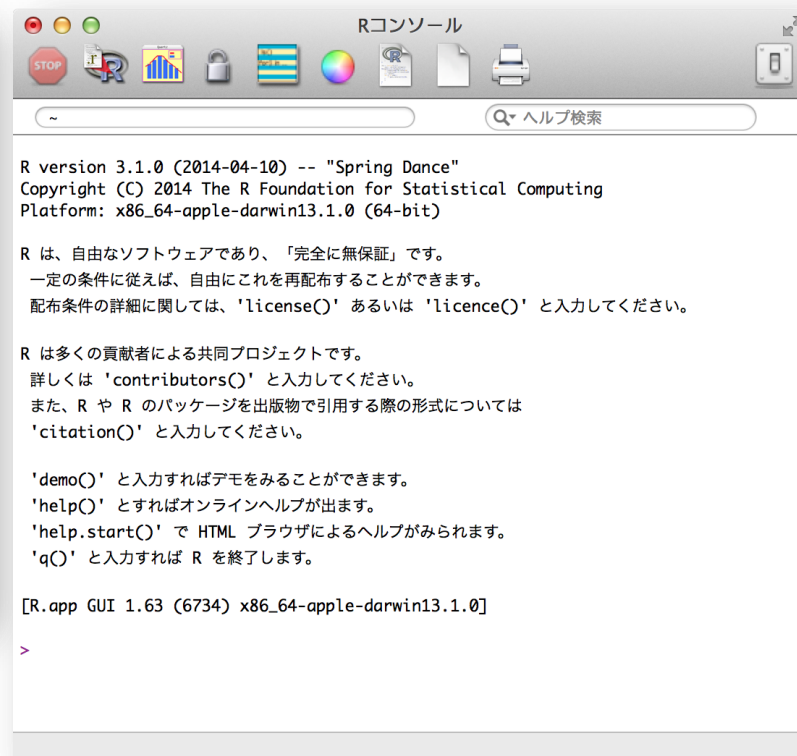
インストール完了

- ① 「インストールが完了しました。」画面が現れたら、「閉じる」ボタンをクリックしてインストールを完了させる。



Rの起動

- ① 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。
- ② R のアイコンをダブルクリックして起動する。



パッケージのインストール

- ① http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install にアクセスする。
- ② パッケージのインストールスクリプトをコピー＆ペーストで実行する。
- ③ ダウンロードサイトが聞かれたら自分のいる場所から近いサイトを指定する。
- ④ ネットワーク環境により 2~5 時間程度でインストールが完了する。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install

1. Windows release 版のインストールの場合:

1. Rのインストールを「実行」
2. 聞かれるがままに「次へ」などを押してとにかくインストールを完了させる
3. Windows Vistaの人は(パッケージのインストール中に書き込み権限に関するエラーが出るのを避けるために)「コントロールパネル」-「ユーザーアカウント」-「ユーザーアカウント制御の有効化または無効化」で、「ユーザーアカウント制御(UAC)を使ってコンピュータの保護に役立たせる」のチェックをあらかじめ外しておくことを強くお勧めします。
4. インストールが無事完了したら、デスクトップに出現する「R3.X.Y(32 bitの場合、xやY中の数値はバージョンによって異なります)または「R x64 3.X.Y(64 bitの場合、xやY中の数値はバージョンによって異なります)」をクリックして起動させる
5. **コード部分をコピーして R Console へペーストする。** 一番お手軽です。(どこからダウンロードするか?と聞かれる

```
install.packages(available.packages()[,1], dependencies=TRUE)#CRAN中にある全てのパッケージをインストール
source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")#おまじない
biocLite("BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9")#Bioconductor中にあるBSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9パッケージをインストール
biocLite(all_group())#Bioconductor中にある全てのパッケージをインストール
```

6. 「コントロールパネル」-「デスクトップのカスタマイズ」-「フォルダオプション」-「表示(タブ)」-「詳細設定」のところで、「登録されている拡張子は表示しない」のチェックを外してください。

The screenshot displays the R installation process on a Windows system. A 'CRAN mirror' dialog box is open, showing a list of mirrors with 'Japan (Tokyo)' selected. Below this, an R console window shows the execution of the installation script. The console output includes the following commands and their results:

```
[R.app GUI 1.63 (6734) x86_64-mingw32/x64]
[History restored from /Us

> install.packages(available.packages()[, 1], dependencies = TRUE)
source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")
biocLite("BSgenome.Athaliana.TAIR.TAIR9")
biocLite(all_group())

source(file, local = FALSE, echo = verbose, print.eval = echo, verbose = getOption("verbose"), prompt.echo =
getOption("prompt"), max.deparse.length = 150, chdir = FALSE, encoding = getOption("encoding"),
```