

2025.4.16版

Pythonのインストール手順を示します。
スライドはMac環境 (Sequoia 15.4)
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。

Pythonのインストール (Mac版)

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

メール: info@iu.a.u-tokyo.ac.jp
X(旧Twitter): @Agribio_utokyo

Contents

- Pythonのバージョン確認
- Python本体のインストール
- インストール確認
- Pythonの起動と終了(optional)
- 基本的な利用法(optional)
- パッケージのインストール(optional)
- Biopythonの基本的な利用法(optional)

Pythonのバージョン確認

最新版Pythonをインストールする前に、**pre**インストールされているPythonの有無とそのバージョンを確認しておきます。ターミナルを起動し、①pythonと入力。②pythonに紐づけられたコマンドは無いことが示されました。


```
student — -zsh — 88x28
Last login: Thu Mar 28 10:49:30 on ttys000
~ % python
zsh: command not found: python
~ %
```

Pythonのバージョン確認

③python3と入力。④developerツールが無いのでインストールが必要だというメッセージとともに、⑤「今すぐインストールしますか？」というメッセージが表示されたら、⑥インストールをクリック。

```
student — -zsh — 88x28

Last login: Thu Mar 28 10:49:30 on ttys000
~ % python
zsh: python: command not found: python
~ % python3
xcode-select: note: No developer tools were found, requesting install.
If developer tools are located at a non-default location on disk, use `sudo xcode-select
--switch path/to/Xcode.app` to specify the Xcode that you wish to use for command line
developer tools, and cancel the installation dialog.
See `man xcode-select` for more details.
~ %
```



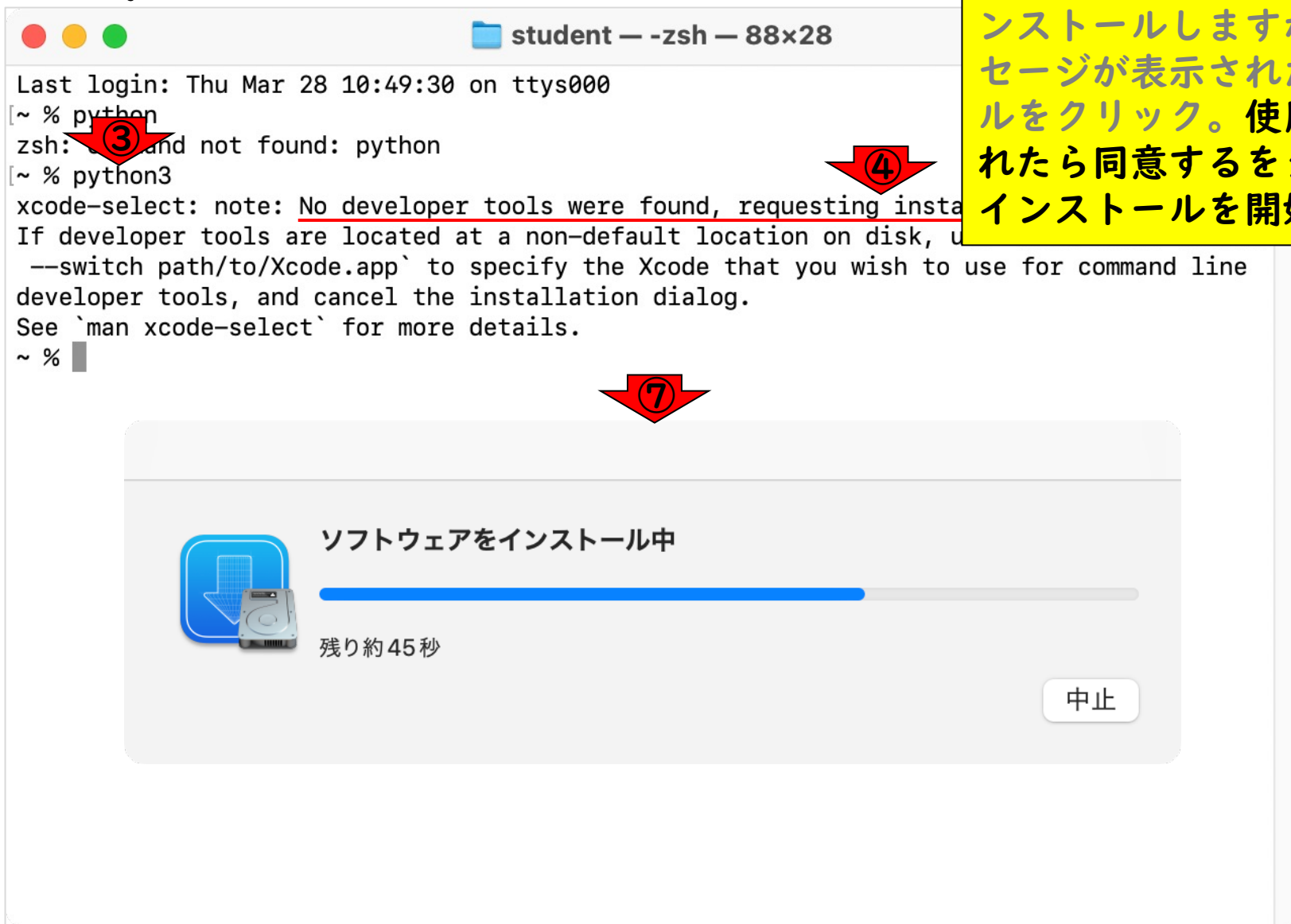
“python3” コマンドを実行するには、コマンドラインデベロッパツールが必要です。ツールを今すぐインストールしますか？

コマンドラインデベロッパツールを今すぐダウンロードしてインストールするには、“インストール” を選択してください。

キャンセルインストール

Pythonのバージョン確認

③python3と入力。④developerツールが無いのでインストールが必要だというメッセージとともに、⑤「今すぐインストールしますか？」というメッセージが表示されたら、⑥インストールをクリック。使用許諾契約が表示されたら同意するをクリックすると、⑦インストールを開始します。



Pythonのバージョン確認

③python3と入力。④developerツールが無いのでインストールが必要だというメッセージとともに、⑤「今すぐインストールしますか？」というメッセージが表示されたら、⑥インストールをクリック。使用許諾契約が表示されたら同意するをクリックすると、⑦インストールを開始します。インストール完了したら⑧完了をクリック。

```
student — -zsh — 88x28

Last login: Thu Mar 28 10:49:30 on ttys000
~ % python
zsh: python: command not found: python
~ % python3
xcode-select: note: No developer tools were found, requesting installation.
If developer tools are located at a non-default location on disk, use the
--switch path/to/Xcode.app` to specify the Xcode that you wish to
install. See `man xcode-select` for more details.
~ %
```



ソフトウェアがインストールされました。



完了

Pythonのバージョン確認

```
student — Python — 88x28

Last login: Thu Mar 28 17:04:56 on ttys000
~ % python
zsh: command not found: python
~ % python3
xcodeselect: note: No developer tools were found, requesting installation.
If developer tools are located at a non-default location on disk, use
  --switch path/to/Xcode.app` to specify the Xcode that you wish to
install developer tools, and cancel the installation dialog.
See `man xcodeselect` for more details.
~ % python3
Python 3.9.6 (default, Feb  3 2024, 15:58:28)
[Clang 15.0.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for more information
>>>
```

③python3と入力。④developerツールが無いのでインストールが必要だというメッセージとともに、⑤「今すぐインストールしますか？」というメッセージが表示されたら、⑥インストールをクリック。使用許諾契約が表示されたら同意するをクリックすると、⑦インストールを開始します。インストール完了したら⑧完了をクリック。もう一度⑨python3と実行してみると、今度は起動しました。（XcodeをインストールしなくてもPythonが起動してきたので、ここではこのままXcodeはインストールせずに進みます。）

Pythonのバージョン確認

- ①起動したPythonのバージョンは、**3.9.6**であることが確認できました。
- ②**quit()**と入力してPythonを終了。

```
student — -zsh — 88x28

Last login: Thu Mar 28 17:04:56 on ttys000
[~ % python
zsh: command not found: python
[~ % python3
xcode-select: note: No developer tools were found, requesting install.
If developer tools are located at a non-default location on disk, use `sudo xcode-select
--switch path/to/Xcode.app` to specify the Xcode that you wish to use for command line
developer tools, and cancel the installation dialog.
See `man xcode-select` for more details.
[~ % python3
Python 3.9.6 (default, Feb  3 2024, 15:58:28)
[Clang 15.0.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for more information.
[>>> quit()
~ %
```


Pythonのバージョン確認

③which python3と入力し、Python3の実体がどこにあるかを確認し④
/usr/bin/python3であることが確認できました。なお、このPython3.9.6は、システムやプレインストールされているソフトウェアが使用している可能性があります、削除せずに残しておきます。

```
student — -zsh — 88x28

Last login: Thu Mar 28 17:04:56 on ttys000
~ % python
zsh: command not found: python
~ % python3
xcode-select: note: No developer tools were found, requesting install.
If developer tools are located at a non-default location on disk, use `sudo xcode-select
--switch path/to/Xcode.app` to specify the Xcode that you wish to use for command line
developer tools, and cancel the installation dialog.
See `man xcode-select` for more details.
~ % python3
Python 3.9.6 (default, Feb  3 2024, 15:58:28)
[Clang 15.0.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for more information.
>>> quit()
~ % which python3
/usr/bin/python3
~ %
```

③

④

Contents

- Pythonのバージョン確認
- Python本体のインストール
- インストール確認
- Pythonの起動と終了(optional)
- 基本的な利用法(optional)
- パッケージのインストール(optional)
- Biopythonの基本的な利用法(optional)

Pythonのインストール

最新版Pythonを使用するためのインストール方法を説明します。①Pythonのサイト。②Downloads...

The screenshot shows the Python.org homepage. A red arrow with a circled '1' points to the 'python.org' address in the browser's address bar. Another red arrow with a circled '2' points to the 'Downloads' link in the navigation menu. The page features the Python logo, a search bar, and a navigation menu with links to About, Downloads, Documentation, Community, Success Stories, News, and Events. Below the navigation menu, there is a code editor showing a Fibonacci sequence script and its output, and a section titled 'Functions Defined' with a description of Python's extensibility. At the bottom, a message states: 'Python is a programming language that lets you work quickly and integrate systems more effectively. >>> [Learn More](#)'.

Welcome to Python.org

python.org

Python PSF Docs PyPI Jobs Community

python™

Donate Search GO Socialize

About Downloads Documentation Community Success Stories News Events

```
# Python 3: Fibonacci series up to 1000
>>> def fib(n):
>>>     a, b = 0, 1
>>>     while a < n:
>>>         print(a, end=' ')
>>>         a, b = b, a+b
>>>     print()
>>> fib(1000)
0 1 1 2 3 5 8 13 21 34 55 89 144 233
377 610 987
```

Functions Defined

The core of extensible programming is defining functions. Python allows mandatory and optional arguments, keyword arguments, and even arbitrary argument lists. [More about defining functions in Python 3](#)

1 2 3 4 5

Python is a programming language that lets you work quickly and integrate systems more effectively. >>> [Learn More](#)

Pythonのインストール2

最新版Pythonを使用するためのインストール方法を説明します。①Pythonのサイト。②Downloads。③各自のOSに対応するものを選べばよいが、例えばこのMac環境では④のように見えて、プレインストール版 (3.9.6) より新しいバージョン (3.13.3) であることを確認できたので、④をクリック。

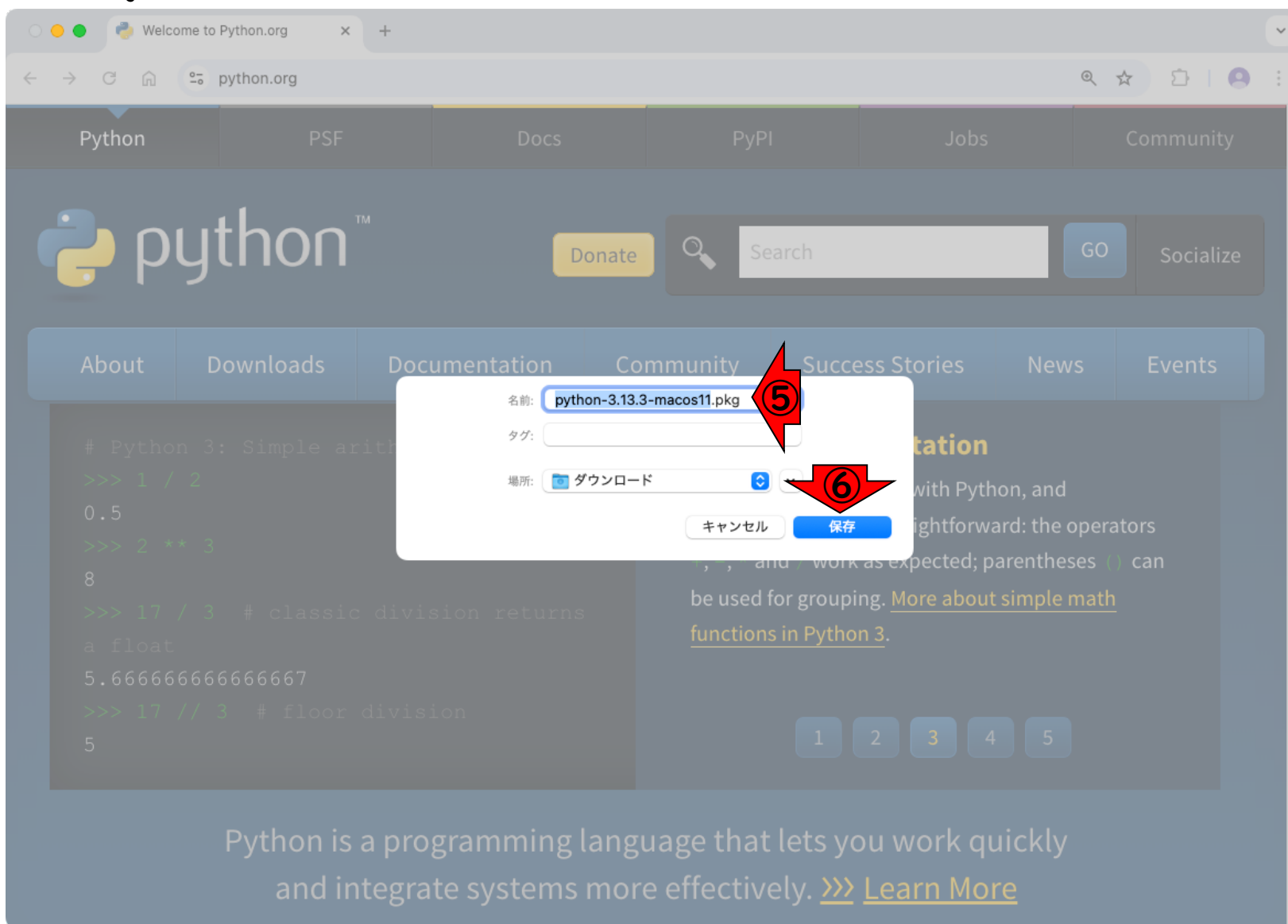
The screenshot shows the Python.org website in a web browser. The address bar shows 'python.org'. The navigation bar includes links for Python, PSF, Docs, PyPI, and a search bar. The main content area has a 'Downloads' link highlighted with a red arrow labeled ②. A dropdown menu is open under 'Downloads', showing options like 'All releases', 'Source code', 'Windows', 'macOS', 'Other Platforms', 'License', and 'Alternative Implementations'. A red bracket labeled ③ groups the OS options. The 'macOS' option is selected, leading to a 'Download for macOS' section. In this section, the 'Python 3.13.3' button is highlighted with a red arrow labeled ④. Below this button, text indicates that Python can be used on many operating systems and environments, with a link to 'View the full list of downloads.' The footer of the page states 'Python is a programming language that lets you work quickly and integrate systems more effectively. >>> [Learn More](#)'.

Python is a programming language that lets you work quickly and integrate systems more effectively. >>> [Learn More](#)

<https://www.python.org/downloads/macos/>

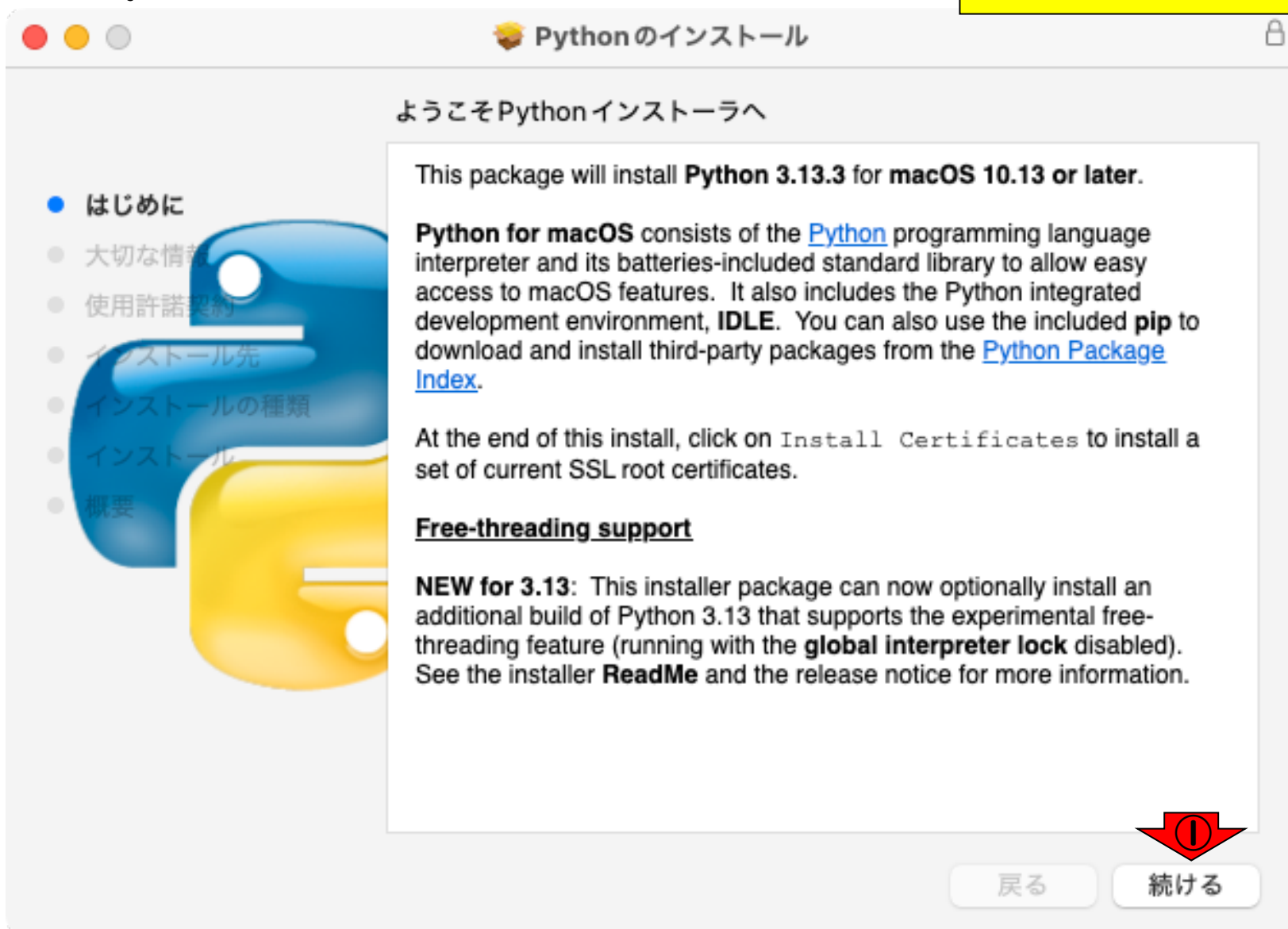
Pythonのインストール3

⑤pkgファイルを任意の場所に、⑥保存。



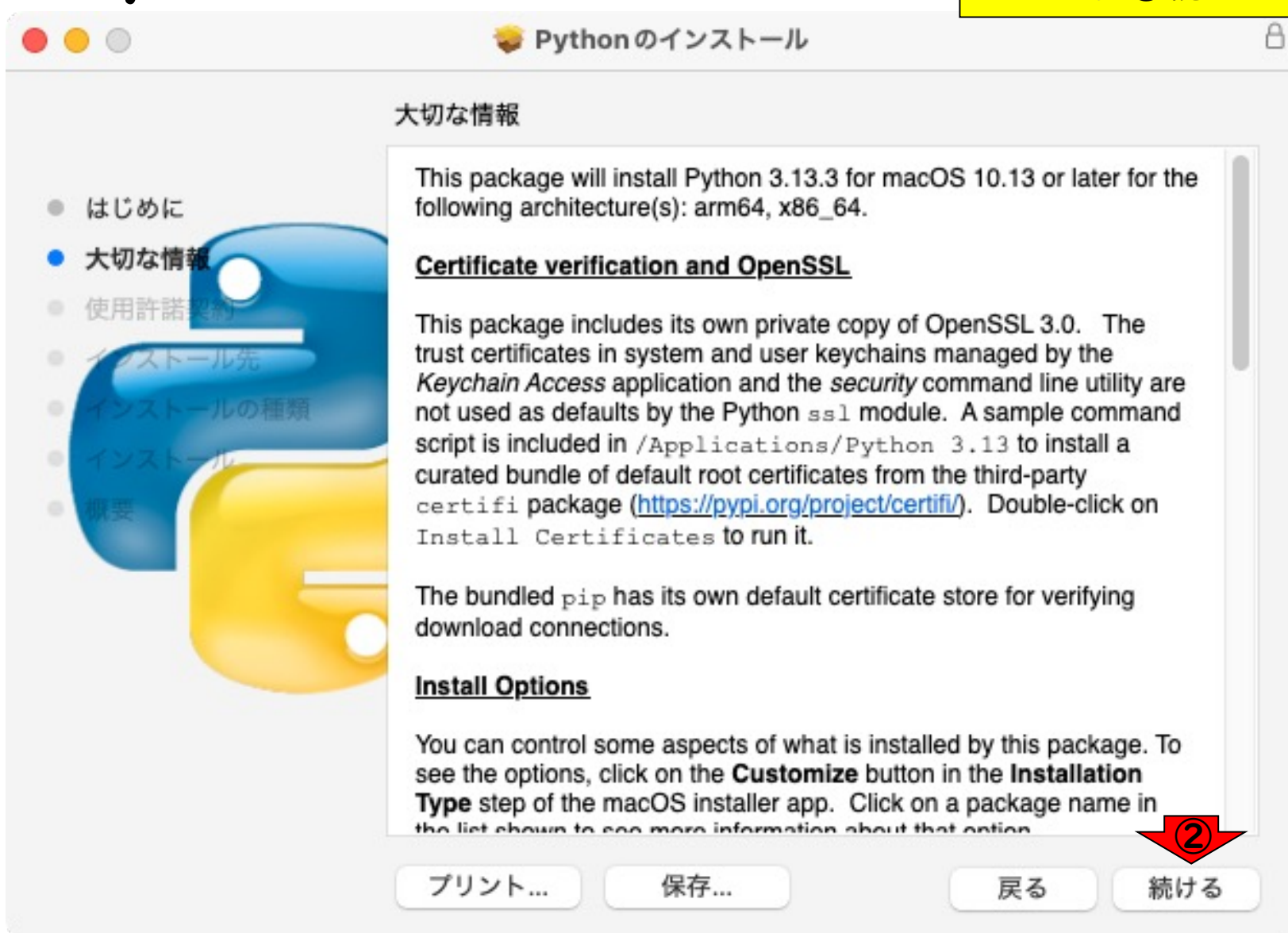
Pythonのインストール4

ダウンロードしたpkgファイルをダブルクリックした状態。①続けるをクリック、



Pythonのインストール5

ダウンロードしたexeファイルをダブルクリックした状態。①続けるをクリック、②続ける、



Pythonのインストール6

ダウンロードしたexeファイルをダブルクリックした状態。①続けるをクリック、②続ける、③続ける。



Pythonのインストール7

①使用許諾契約を確認後、②同意するをクリック。



Pythonのインストール8



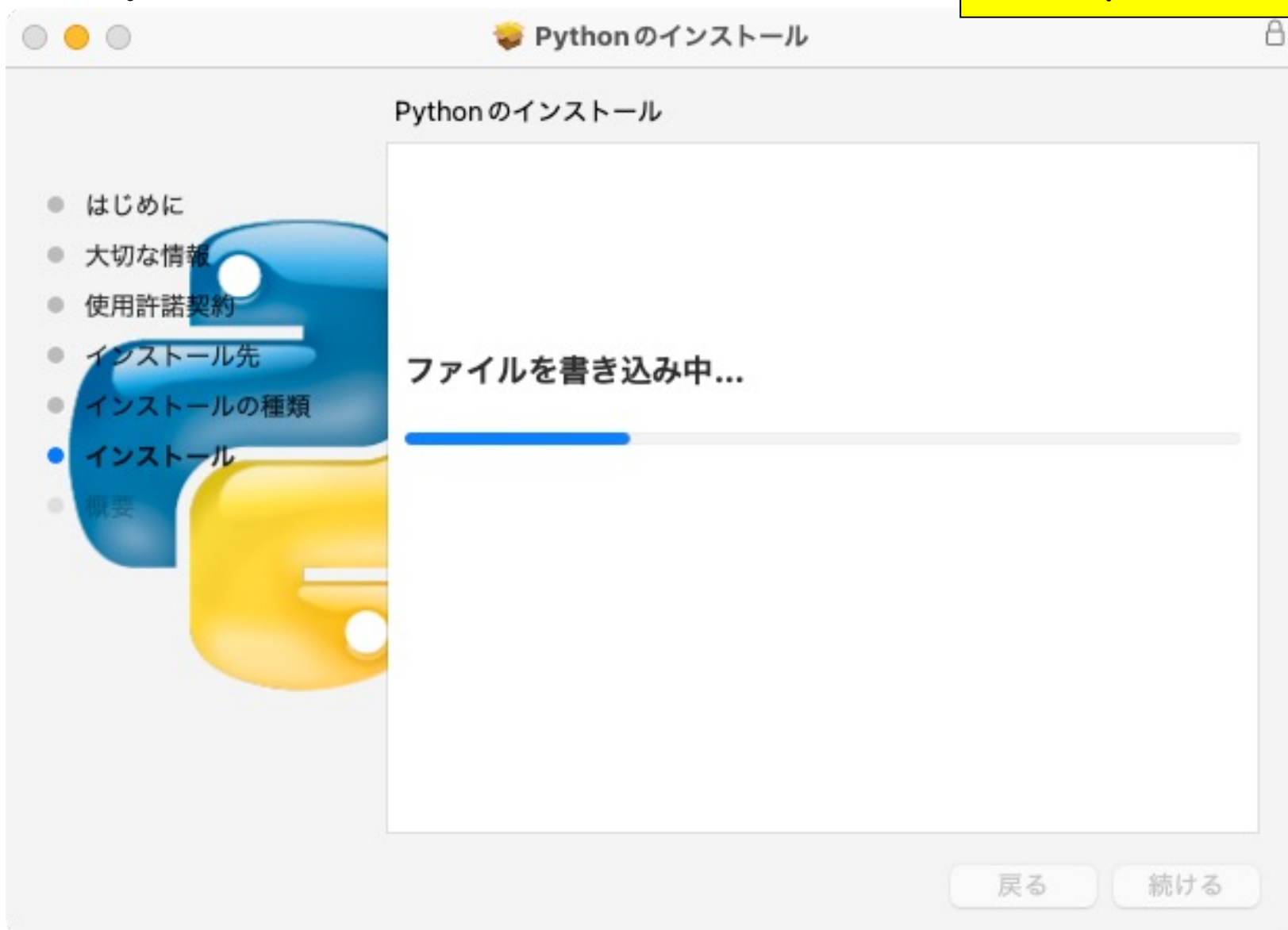
Pythonのインストール9

①パスワードを入力、②ソフトウェアをインストールをクリック。



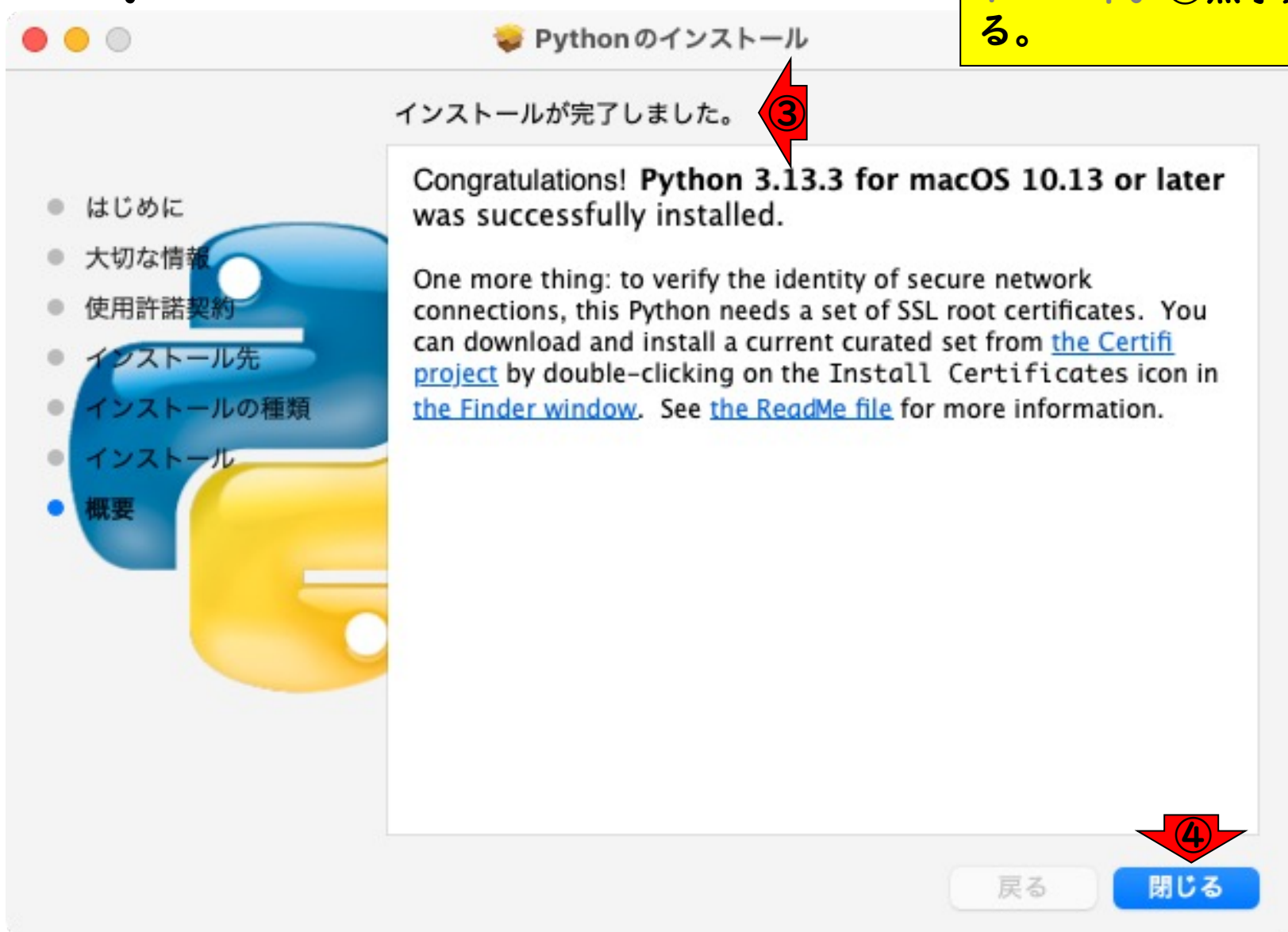
Pythonのインストール…10

①パスワードを入力、②ソフトウェアをインストールをクリック。インストール中…



Pythonのインストール…II

①パスワードを入力、②ソフトウェアをインストールをクリック。インストール中。③無事完了したら、④閉じる。



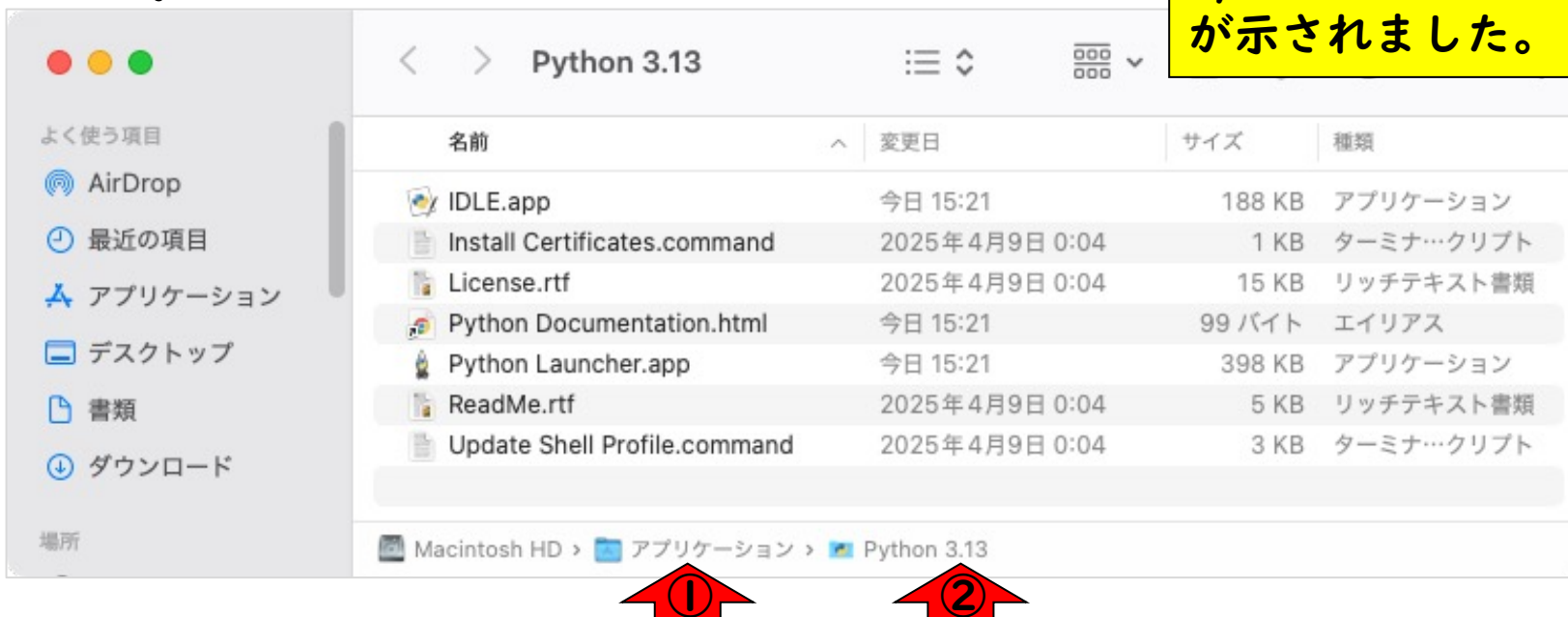
Pythonのインストール…12

①パスワードを入力、②ソフトウェアをインストールをクリック。インストール中。③無事完了したら、④閉じる。インストーラは⑤ゴミ箱に入れるを選んで構いません。



Pythonのインストール…13

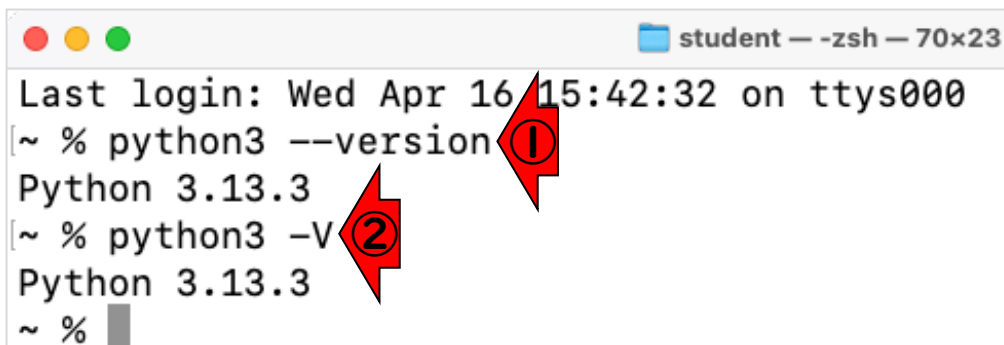
インストール終了と同時に、①アプリケーションフォルダの下に②Python3.13がインストールされたことが示されました。



Contents

- Pythonのバージョン確認
- Python本体のインストール
- インストール確認
- Pythonの起動と終了(optional)
- 基本的な利用法(optional)
- パッケージのインストール(optional)
- Biopythonの基本的な利用法(optional)

インストール確認I



A terminal window titled "student - zsh - 70x23" showing the process of verifying Python installation. The window has a title bar with three colored dots (red, yellow, green) on the left. The text inside the terminal is as follows:

```
Last login: Wed Apr 16 15:42:32 on ttys000
~ % python3 --version
Python 3.13.3
~ % python3 -V
Python 3.13.3
~ %
```

Two red lightning bolt icons with circled numbers are overlaid on the terminal output. The first icon, labeled "①", points to the command `python3 --version`. The second icon, labeled "②", points to the command `python3 -V`.

起動中のターミナルがあれば、終了し、新規にターミナルを起動します。① `python3 --version`と入力し、Pythonのバージョンを確認します。なお、② `python3 -V`でも同様にバージョンを確認することができます。これにより、ダウンロードしてインストールしたPython **3.13.3**が正しくインストールされたことを確認できました。

インストール確認2

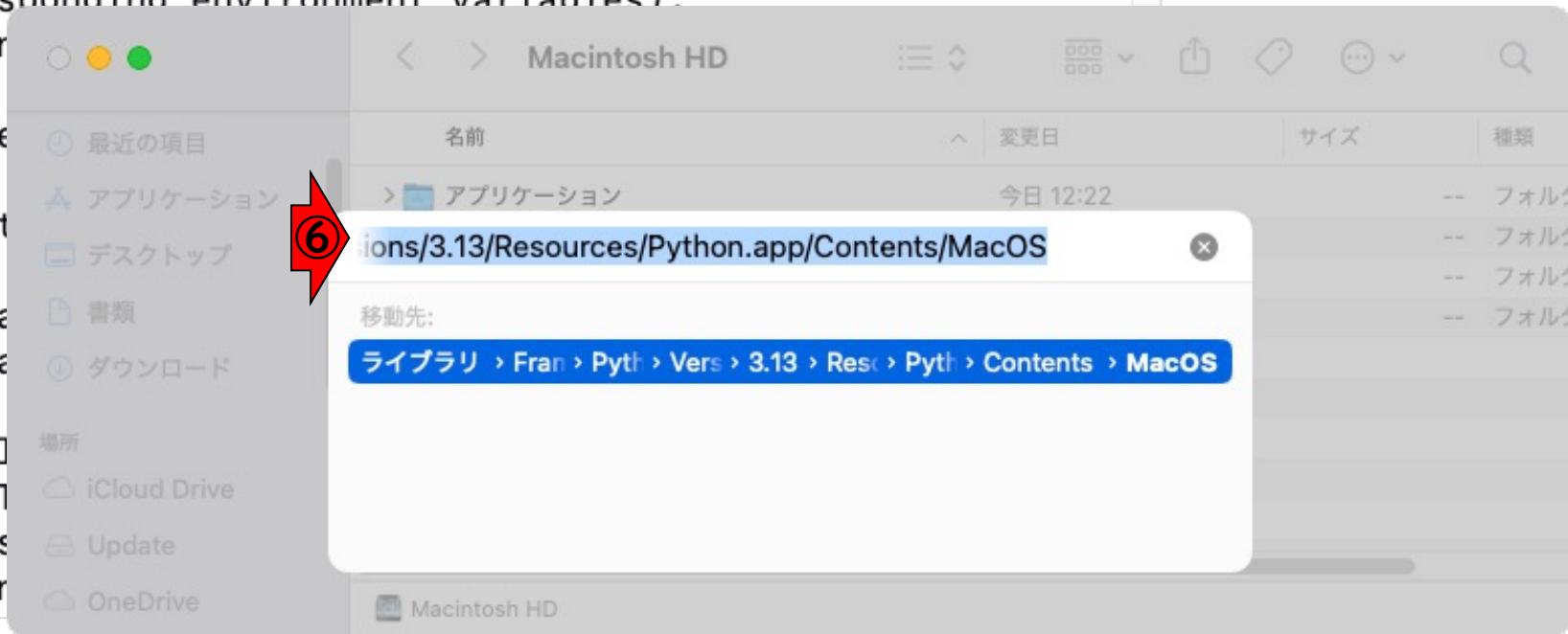
③ 「python3 -h」と打つと、このように見えます。ちなみにインストールされた3.13.3の実体は、④
/Library/Frameworks/Python.framework/Versions/3.13/Resources/Python.app/Contents/MacOS/Pythonであることがわかります。

```
student — -zsh — 70x23
Last login: Wed Apr 16 15:42:32 on ttys000
~ % python3 --version
Python 3.13.3
~ % python3 -V
Python 3.13.3 ③
~ % python3 -h
usage: /Library/Frameworks/Python.framework/Versions/3.13/Resources/Python.app/Contents/MacOS/Python [option] ... [-c cmd | -m mod | file | -] [arg] ...
Options (and corresponding environment variables):
-b          : issue warnings about converting bytes/bytearray to str and comparing
              bytes/bytearray with str or bytes with int. (-bb: issue errors)
-B          : don't write .pyc files on import; also PYTHONDONTWRITEBYTECODE=x
-c cmd      : program passed in as string (terminates option list)
-d          : turn on parser debugging output (for experts only, only works on
              debug builds); also PYTHONDEBUG=x
-E          : ignore PYTHON* environment variables (such as PYTHONPATH)
-h          : print this help message and exit (also -? or --help)
-i          : inspect interactively after running script; forces a prompt e
```

インストール確認3

Finderを起動して、command + Shift + Gを押し、⑤MacOSまでのパス
(/Library/Frameworks/Python.framework/Versions/3.13/Resources/Python.app/Contents/MacOS)を⑥検索窓に
コピーして、リターンを押すと、

```
student — zsh — 70x23
Last login: Wed Apr 16 15:42:32 on ttys000
~ % python3 --version
Python 3.13.3
~ % python3 -V
Python 3.13.3
~ % python3 -h
usage: /Library/Frameworks/Python.framework/Versions/3.13/Resources/Python.app/Contents/MacOS/Python [option] ... [-c cmd | -m mod | file | -] [arg] ...
Options (and corresponding environment variables):
  -b      : issue warning about bytes/byte
  -B      : don't write
  -E      : ignore PY
  -x      : debug build
  -E      : ignore PY
  -h      : print this
  -i      : inspect in
```



インストール確認4

Finderを起動して、command + Shift + Gを押し、⑤MacOSまでのパス (/Library/Frameworks/Python.framework/Versions/3.13/Resources/Python.app/Contents/MacOS) を⑥検索窓にコピーして、リターンを押すと、このフォルダが表示されます。⑦Pythonアイコンをクリックすると、

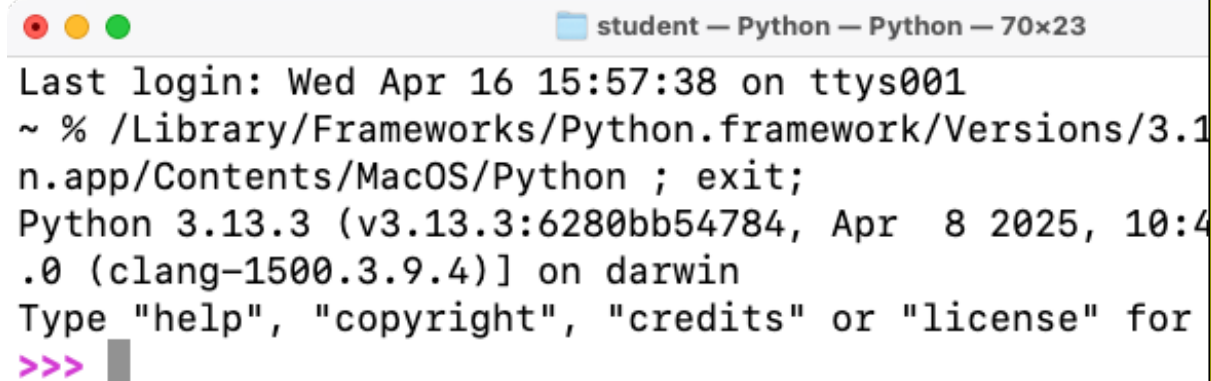
The image shows a terminal window and a Finder window. The terminal window displays the command `python3 --version` and the output `Python 3.13.3`. It also shows the command `python3 -V` and the output `Python 3.13.3`. The command `python3 -h` is shown, and the output is partially visible. The output shows the path `/Library/Frameworks/Python.framework/Versions/3.13/Resources/Python.app/Contents/MacOS/Python` and the options `[-c cmd | -m mod | file | -] [arg] ...`. A red arrow points to the path in the terminal output.

The Finder window shows the path `MacOS` in the title bar. The table below shows the contents of the `MacOS` folder:

名前	変更日	サイズ	種類
Python	2025年4月9日 0:04	118 KB	Unix実行ファイル

A red arrow points to the `Python` icon in the table.

インストール確認5

A screenshot of a macOS terminal window titled "student — Python — Python — 70x23". The window shows the output of a login session on a Darwin system. The text includes the login time, the current directory path, the Python version (3.13.3), and the compiler version (clang-1500.3.9.4). The prompt is ">>>".

```
Last login: Wed Apr 16 15:57:38 on ttys001
~ % /Library/Frameworks/Python.framework/Versions/3.1
n.app/Contents/MacOS/Python ; exit;
Python 3.13.3 (v3.13.3:6280bb54784, Apr  8 2025, 10:4
.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for
>>>
```



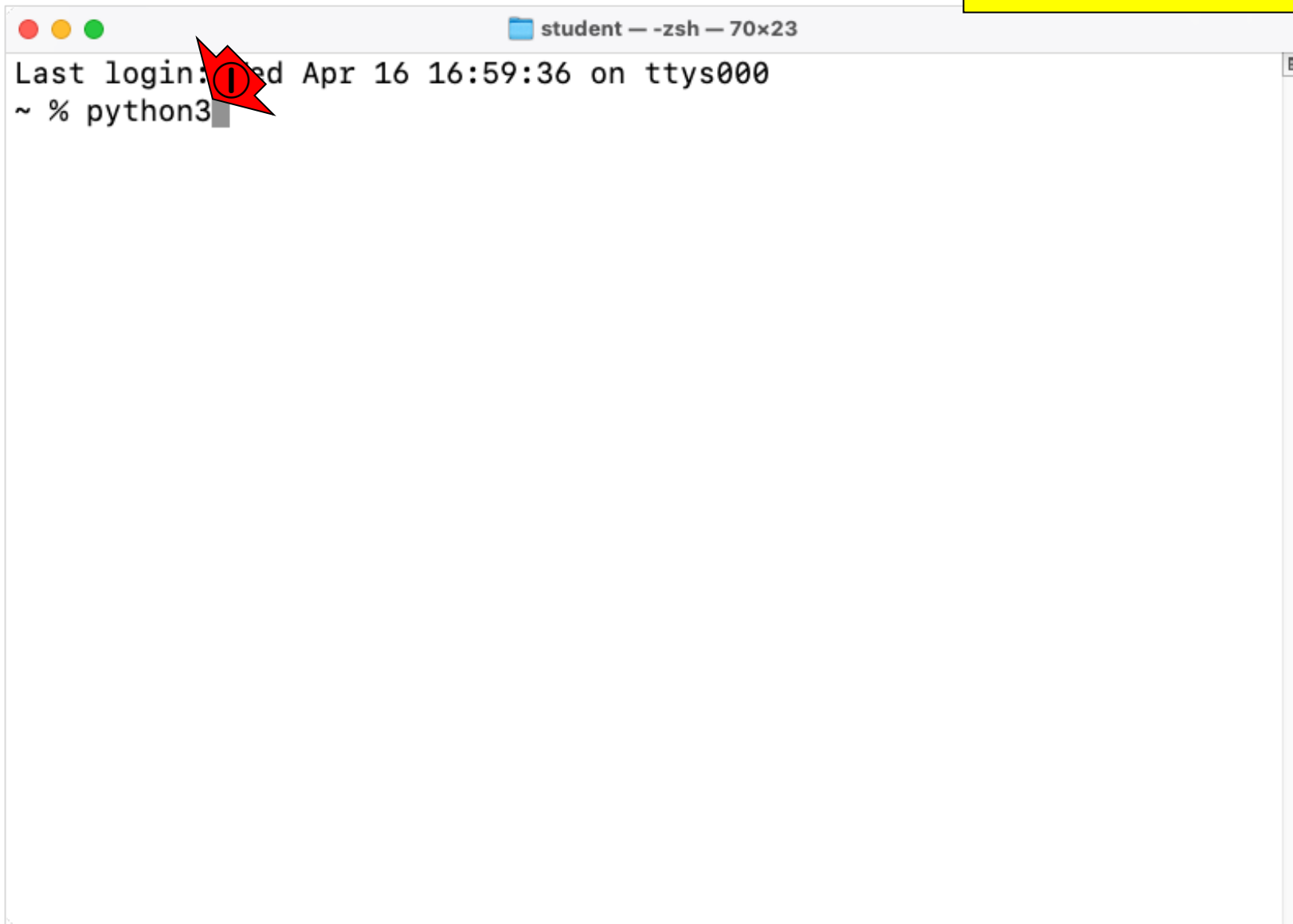
Finderを起動して、command + Shift + Gを押し、⑤MacOSまでのパス (/Library/Frameworks/Python.framework/Versions/3.13/Resources/Python.app/Contents/MacOS) を⑥検索窓にコピーして、リターンを押すと、このフォルダが表示されます。⑦Pythonアイコンをクリックすると、新たに⑧Pythonが起動した状態のターミナルが起動します。このようにインストールしたバージョンのPythonを起動できない場合は、インストールを失敗していると考えられます。

Contents

- Pythonのバージョン確認
- Python本体のインストール
- インストール確認
- Pythonの起動と終了(optional)
- 基本的な利用法(optional)
- パッケージのインストール(optional)
- Biopythonの基本的な利用法(optional)

Pythonの起動と終了！

ターミナルを利用してPythonを起動します。起動は、①「python3」と打ってリターン。



A terminal window titled "student — -zsh — 70x23". The window shows the text "Last login: Wed Apr 16 16:59:36 on ttys000" and the prompt "~ % python3" with a cursor. A red starburst icon with the number 1 is placed over the "python3" text.

```
student — -zsh — 70x23
Last login: Wed Apr 16 16:59:36 on ttys000
~ % python3
```

Pythonの起動と終了2

こんな感じになればOK。Pythonの場合は、②「>>>」のように「大なりマーク(>)」が3つ連続で見えていれば、Pythonのコマンドを実行できます。

```
student — Python — 70x23
Last login: Wed Apr 16 16:59:36 on ttys000
~ % python3
Python 3.13.3 (v3.13.3:6280bb54784, Apr  8 2025, 10:47:54) [Clang 15.0
.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for more information.
>>>
```



Pythonの起動と終了3

こんな感じになればOK。Pythonの場合は、②「>>>」のように「大なりマーク(>)」が3つ連続で見えていれば、Pythonのコマンドを実行できます。Pythonの終了は、③「quit()」と打ちこんでリターン。

```
student — Python — 70x23
Last login: Wed Apr 16 16:59:36 on ttys000
~ % python3
Python 3.13.3 (v3.13.3:6280bb54784, Apr  8 2025, 10:47:34) [Clang 15.0.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for more information.
>>> quit()
```



Contents

- Pythonのバージョン確認
- Python本体のインストール
- インストール確認
- Pythonの起動と終了(optional)
- **基本的な利用法(optional)**
- パッケージのインストール(optional)
- Biopythonの基本的な利用法(optional)

基本的な利用法I

A screenshot of a terminal window. The title bar shows 'student - zsh - 70x23'. The main content area displays 'Last login: Wed Apr 16 17:04:22 on ttys001' followed by a prompt '~ %' and a cursor. A red arrow with a white exclamation mark points to the prompt. The window has standard macOS window controls (red, yellow, green buttons) in the top-left corner.

```
student - zsh - 70x23
Last login: Wed Apr 16 17:04:22 on ttys001
~ %
```

基本的な利用法2

①ターミナル起動後の状態。ターミナル上では、②「`1 + 1`」を実行しても2という結果が得られないことを確認しているだけです。

```
student — zsh — 70x23
Last login: Wed Apr 16 17:04:22 on ttys001
~ % 1 + 1
zsh: command not found: 1
~ %
```

基本的な利用法3

①ターミナル起動後の状態。ターミナル上では、②「1 + 1」を実行しても2という結果が得られないことを確認しているだけです。③「python3」と打って、Pythonを起動した状態。

```
student — Python — 70x23
Last login: Wed Apr 16 17:04:22 on ttys001
~ % 1 + 1
zsh: command not found: 1
~ % python3
Python 3.13.3 (v3.13.3:6280bb54784, Apr 8 2025, 10:47:54) [Clang 15.0
.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for more information.
>>>
```

基本的な利用法4

```
student — Python — 70x23
Last login: Wed Apr 16 17:04:22 on ttys001
~ % 1 + 1
zsh: command not found: 1
~ % python3
Python 3.13.3 (v3.13.3:6280bb54784, Apr  8 2025, 10:4
.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for
>>> 1 + 1
2
>>>
```



①ターミナル起動後の状態。ターミナル上では、②「1 + 1」を実行しても2という結果が得られないことを確認しているだけです。③「python3」と打って、Pythonを起動した状態。④「1 + 1」を再度実行すると、正しく2という答えが表示されていることがわかります。同じコマンドプロンプトでも、Python起動の有無がよくわかる例といえます。

基本的な利用法5

```
student — Python — 70x23
Last login: Wed Apr 16 17:04:22 on ttys001
~ % 1 + 1
zsh: command not found: 1
~ % python3
Python 3.13.3 (v3.13.3:6280bb54784, Apr  8 2025, 10:4
.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for
>>> 1 + 1
2
>>> aa = 5
>>> aa
5
>>> █
```



①ターミナル起動後の状態。ターミナル上では、②「1 + 1」を実行しても2という結果が得られないことを確認しているだけです。③「python3」と打って、Pythonを起動した状態。④「1 + 1」を再度実行すると、正しく2という答えが表示されていることがわかります。同じコマンドプロンプトでも、Python起動の有無がよくわかる例といえます。⑤「aa = 5」のように打ち込んで、任意の変数(この場合はaa)に値を代入して利用することもできます。もちろん、次の行で「aa」と打ち込むと、その中身である5が正しく表示されます。

基本的な利用法6

```
student — -zsh — 70x23
Last login: Wed Apr 16 17:04:22 on ttys001
~ % 1 + 1
zsh: command not found: 1
~ % python3
Python 3.13.3 (v3.13.3:6280bb54784, Apr  8 2025, 10:4
.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for
>>> 1 + 1
2
>>> aa = 5
>>> aa
5
>>> quit()
~ %
```



①ターミナル起動後の状態。ターミナル上では、②「1 + 1」を実行しても2という結果が得られないことを確認しているだけです。③「python3」と打って、Pythonを起動した状態。④「1 + 1」を再度実行すると、正しく2という答えが表示されていることがわかります。同じコマンドプロンプトでも、Python起動の有無がよくわかる例といえます。⑤「aa = 5」のように打ち込んで、任意の変数(この場合はaa)に値を代入して利用することもできます。もちろん、次の行で「aa」と打ち込むと、その中身である5が正しく表示されます。⑥「quit()」でPythonを終了。

Contents

- Pythonのバージョン確認
- Python本体のインストール
- インストール確認
- Pythonの起動と終了(optional)
- 基本的な利用法(optional)
- パッケージのインストール(optional)
- Biopythonの基本的な利用法(optional)

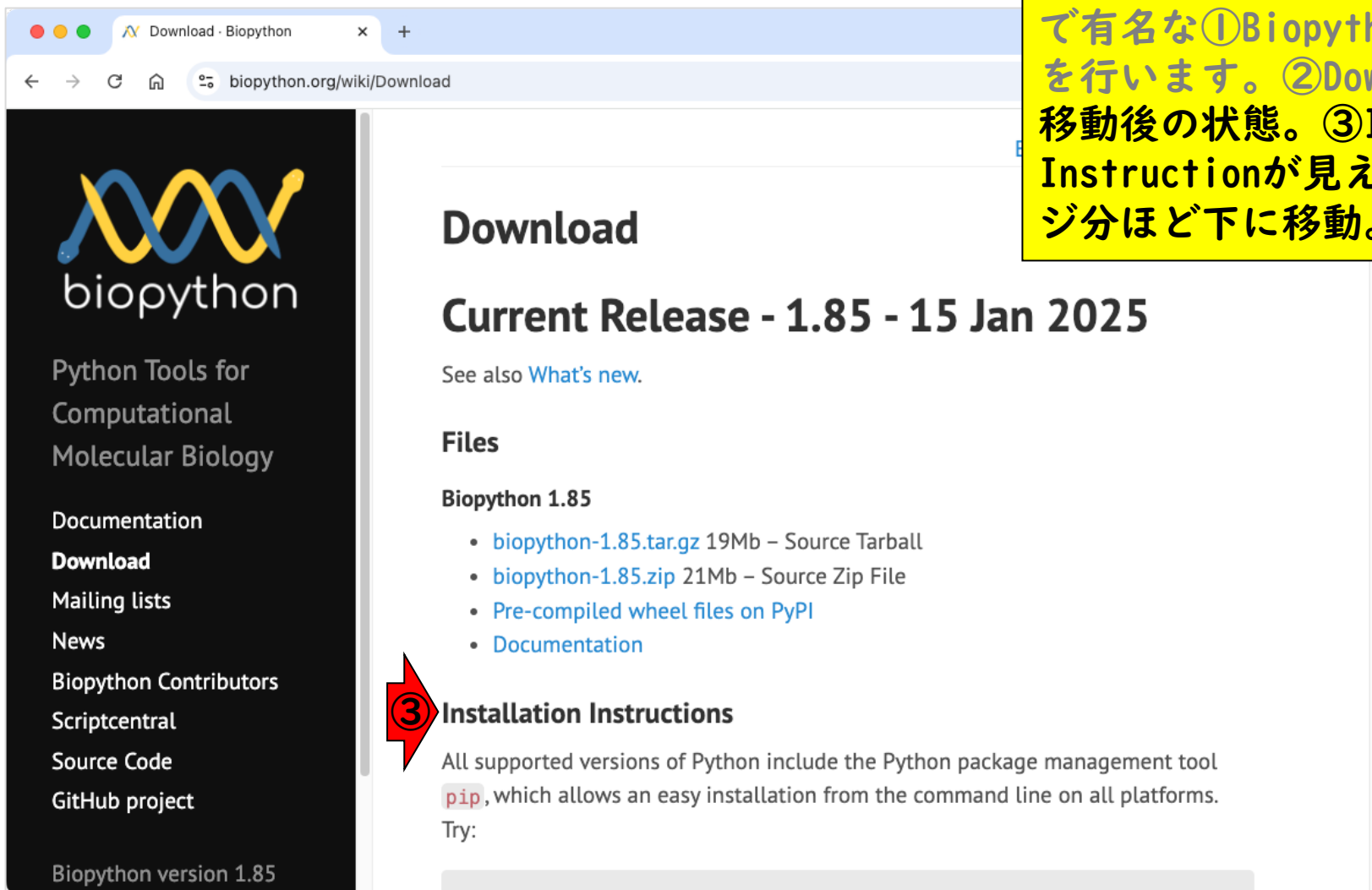
パッケージのインストール

Rとパッケージの関係同様、Pythonも様々なパッケージをインストールして利用します。ここでは、生命科学分野で有名な①Biopythonのインストールを行います。②Downloadをクリック。

The screenshot shows the Biopython website. On the left is a dark sidebar with the Biopython logo (a blue and yellow DNA double helix) and the text "biopython". Below the logo, it says "Python Tools for Computational Molecular Biology". A list of links is provided: "Documentation", "Download", "Mailing lists", "News", "Biopython Contributors", "Scriptcentral", "Source Code", and "GitHub project". At the bottom of the sidebar, it says "Biopython version 1.85". A red arrow with a white number "2" points to the "Download" link. The main content area has a light blue header with the text "Edit this page on GitHub". Below this is the "Biopython" logo (a red lightning bolt with a white number "1" inside) and the text "See also our [News feed](#)". The "Introduction" section follows, stating that Biopython is a set of freely available tools for biological computation written in Python by an international team of developers. It describes Biopython as a distributed collaborative effort to develop Python libraries and applications which address the needs of current and future work in bioinformatics. The source code is made available under the Biopython License, which is extremely liberal and compatible with almost every license in the world. It also mentions that Biopython is a member project of the Open Bioinformatics Foundation (OBF), who take care of their domain name and hosting for their mailing list etc. The OBF used to host their development repository, issue tracker and website but these are now on GitHub. The final paragraph states that the page will help you download and install Biopython, and start using the libraries and tools.

パッケージのインストール2

Rとパッケージの関係同様、Pythonも様々なパッケージをインストールして利用します。ここでは、生命科学分野で有名な①Biopythonのインストールを行います。②Downloadをクリック。移動後の状態。③Installation Instructionが見えるように、半ページ分ほど下に移動。



The screenshot shows the Biopython website. On the left is a dark sidebar with the Biopython logo (a blue and yellow double helix) and the text "biopython". Below the logo, it says "Python Tools for Computational Molecular Biology". Further down are links for "Documentation", "Download", "Mailing lists", "News", "Biopython Contributors", "Scriptcentral", "Source Code", and "GitHub project". At the bottom of the sidebar, it says "Biopython version 1.85". The main content area has a "Download" heading, followed by "Current Release - 1.85 - 15 Jan 2025". Below this is a link to "What's new". Then there is a "Files" section with a sub-heading "Biopython 1.85" and a list of links: "biopython-1.85.tar.gz 19Mb - Source Tarball", "biopython-1.85.zip 21Mb - Source Zip File", "Pre-compiled wheel files on PyPI", and "Documentation". Below the "Files" section is a red arrow pointing to the "③ Installation Instructions" section. The text under "Installation Instructions" says "All supported versions of Python include the Python package management tool `pip`, which allows an easy installation from the command line on all platforms. Try:".

Download

Current Release - 1.85 - 15 Jan 2025

See also [What's new](#).

Files

Biopython 1.85

- [biopython-1.85.tar.gz](#) 19Mb - Source Tarball
- [biopython-1.85.zip](#) 21Mb - Source Zip File
- [Pre-compiled wheel files on PyPI](#)
- [Documentation](#)

③ Installation Instructions

All supported versions of Python include the Python package management tool `pip`, which allows an easy installation from the command line on all platforms. Try:

パッケージのインストール3

こんな感じ。インストールの基本形は、
コマンドプロンプトで④を実行する
だけです。つまり...

The screenshot shows the Biopython website's download page. On the left is a dark sidebar with the Biopython logo (a blue and yellow double helix) and the text "biopython". Below the logo are links: "Python Tools for Computational Molecular Biology", "Documentation", "Download" (highlighted in bold), "Mailing lists", "News", "Biopython Contributors", "Scriptcentral", "Source Code", "GitHub project", and "Biopython version 1.85". The main content area is titled "Installation Instructions" with a red arrow and the number 3 pointing to it. The text says: "All supported versions of Python include the Python package management tool `pip`, which allows an easy installation from the command line on all platforms. Try:". Below this is a code block with the command `pip install biopython`, which has a red arrow and the number 4 pointing to it. Further down, it says "For updating an older version of Biopython try:" followed by a code block with `pip install biopython --upgrade`. Then it says "This will remove older versions of Biopython and NumPy before it installs the recent versions." and "Should you wish to uninstall Biopython:" followed by a code block with `pip uninstall biopython`. Finally, it says "If pip is not already installed you may need to update your Python, but first try:" followed by a code block with `python -m ensurepip`.

Download · Biopython

biopython.org/wiki/Download

③ Installation Instructions

All supported versions of Python include the Python package management tool `pip`, which allows an easy installation from the command line on all platforms. Try:

```
pip install biopython
```

④

For updating an older version of Biopython try:

```
pip install biopython --upgrade
```

This will remove older versions of Biopython and NumPy before it installs the recent versions.

Should you wish to uninstall Biopython:

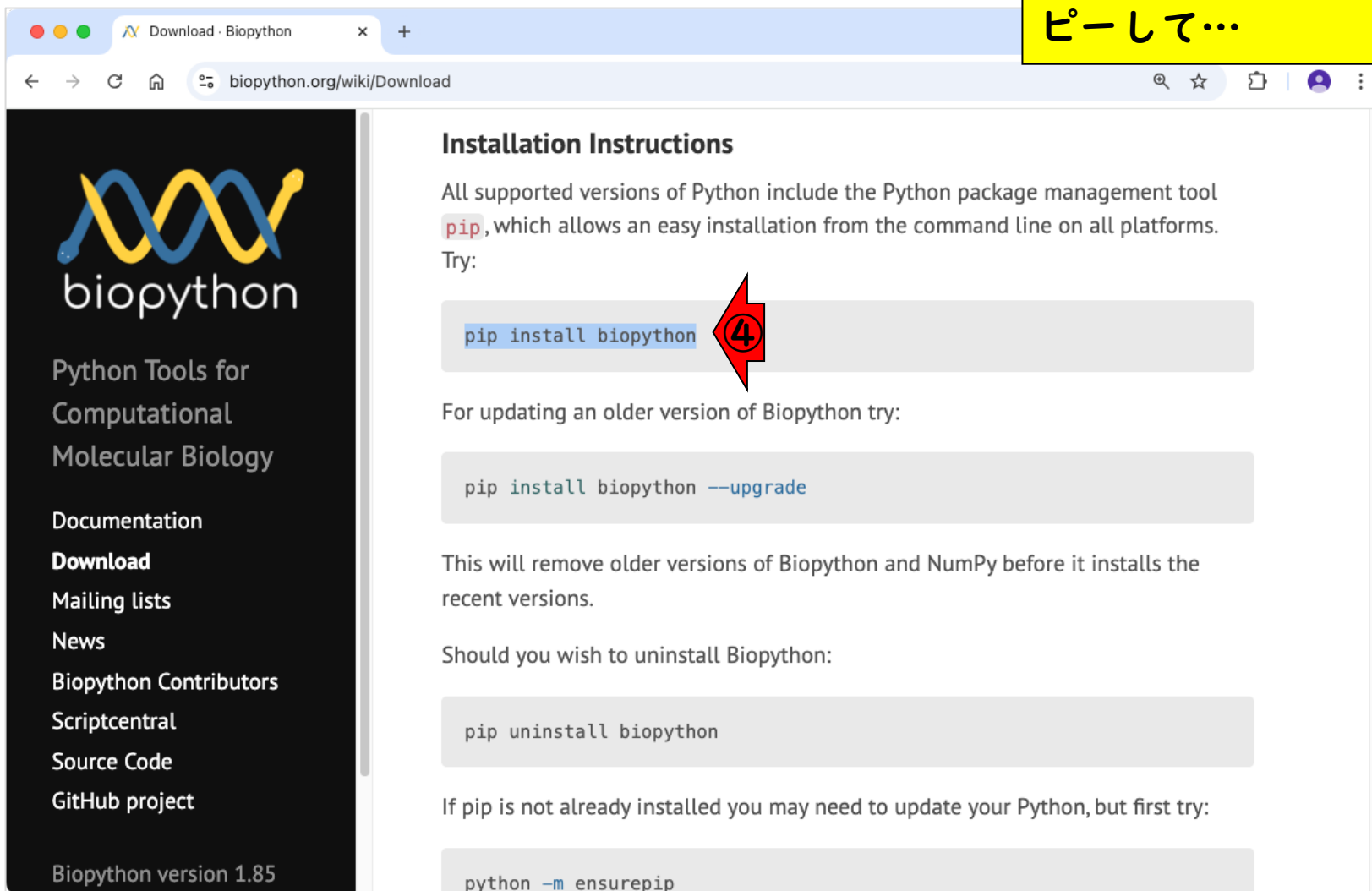
```
pip uninstall biopython
```

If pip is not already installed you may need to update your Python, but first try:

```
python -m ensurepip
```

パッケージのインストール4

こんな感じ。インストールの基本形は、
コマンドプロンプトで④を実行する
だけです。つまり、④のコマンドをコ
ピーして…



The screenshot shows the Biopython website's 'Download' page. On the left is a dark sidebar with the Biopython logo (a blue and yellow double helix) and the text 'biopython'. Below the logo are links: 'Python Tools for Computational Molecular Biology', 'Documentation', 'Download' (highlighted), 'Mailing lists', 'News', 'Biopython Contributors', 'Scriptcentral', 'Source Code', and 'GitHub project'. At the bottom of the sidebar is 'Biopython version 1.85'. The main content area is titled 'Installation Instructions'. It states: 'All supported versions of Python include the Python package management tool `pip`, which allows an easy installation from the command line on all platforms. Try:'. Below this is a code block containing the command `pip install biopython`. A red lightning bolt icon with the number '4' inside a circle points to this command. Further down, it says 'For updating an older version of Biopython try:' followed by a code block with `pip install biopython --upgrade`. Then it says 'This will remove older versions of Biopython and NumPy before it installs the recent versions.' followed by 'Should you wish to uninstall Biopython:' and a code block with `pip uninstall biopython`. Finally, it says 'If pip is not already installed you may need to update your Python, but first try:' followed by a code block with `python -m ensurepip`.

Installation Instructions

All supported versions of Python include the Python package management tool `pip`, which allows an easy installation from the command line on all platforms. Try:

```
pip install biopython
```

For updating an older version of Biopython try:

```
pip install biopython --upgrade
```

This will remove older versions of Biopython and NumPy before it installs the recent versions.

Should you wish to uninstall Biopython:

```
pip uninstall biopython
```

If pip is not already installed you may need to update your Python, but first try:

```
python -m ensurepip
```

パッケージのインストール5

こんな感じ。インストールの基本形は、コマンドプロンプトで④を実行するだけです。つまり、④のコマンドをコピーして、⑤ターミナル上でペーストし、リターン。

```
student — zsh — 70x23
Last login: Wed Apr 16 17:04:22 on ttys001
~ % 1 + 1
zsh: command not found: 1
~ % python3
Python 3.13.3 (v3.13.3:6280bb54784, Apr  8 2025, 10:47:54) [Clang 15.0
.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for more information.
[>>> 1 + 1
2
[>>> aa = 5
[>>> aa
5
[>>> quit()
~ % pip install biopython
```



パッケージのインストール6

こんな感じ。インストールの基本形は、コマンドプロンプトで④を実行するだけです。つまり、④のコマンドをコピーして、⑤ターミナル上でペーストし、リターン。⑥残念ながらpipコマンドが無いというメッセージ。

```
student — zsh — 70x23
Last login: Wed Apr 16 17:04:22 on ttys001
~ % 1 + 1
zsh: command not found: 1
~ % python3
Python 3.13.3 (v3.13.3:6280bb54784, Apr  8 2025, 10:47:54) [Clang 15.0
.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for more information.
[>>> 1 + 1
2
[>>> aa = 5
[>>> aa
5
[>>> quit()
~ % pip install biopython
zsh: command not found: pip
~ %
```



パッケージのインストール6

こんな感じ。インストールの基本形は、コマンドプロンプトで④を実行するだけです。つまり、④のコマンドをコピーして、⑤ターミナル上でペーストし、リターン。⑥残念ながらpipコマンドが無いというメッセージ。⑦pipをpip3に変更してリターン。

```
student — zsh — 70x23
Last login: Wed Apr 16 17:04:22 on ttys001
~ % 1 + 1
zsh: command not found: 1
~ % python3
Python 3.13.3 (v3.13.3:6280bb54784, Apr  8 2025, 10:47:54) [Clang 15.0
.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for more information.
[>>> 1 + 1
2
[>>> aa = 5
[>>> aa
5
[>>> quit()
~ % pip install biopython
zsh: command not found: pip
~ % pip3 install biopython
```



パッケージのインストール7

```
student — zsh — 70x23

[>>> 1 + 1
2
[>>> aa = 5
[>>> aa
5
[>>> quit()
~ % pip install biopython
zsh: command not found: pip
~ % pip3 install biopython
Collecting biopython
  Downloading biopython-1.85-cp313-cp313-macosx_10_13_x86_64.whl (13 kB)
Collecting numpy (from biopython)
  Downloading numpy-2.2.4-cp313-cp313-macosx_14_0_x86_64.whl (62 kB)
Downloading biopython-1.85-cp313-cp313-macosx_10_13_x86_64.whl (2.8 MB)
 2.8/2.8 MB 9.4 MB/s eta 0:00:00
Downloading numpy-2.2.4-cp313-cp313-macosx_14_0_x86_64.whl (6.7 MB)
 6.7/6.7 MB 25.0 MB/s eta 0:00:00
Installing collected packages: numpy, biopython
Successfully installed biopython-1.85 numpy-2.2.4
~ %
```

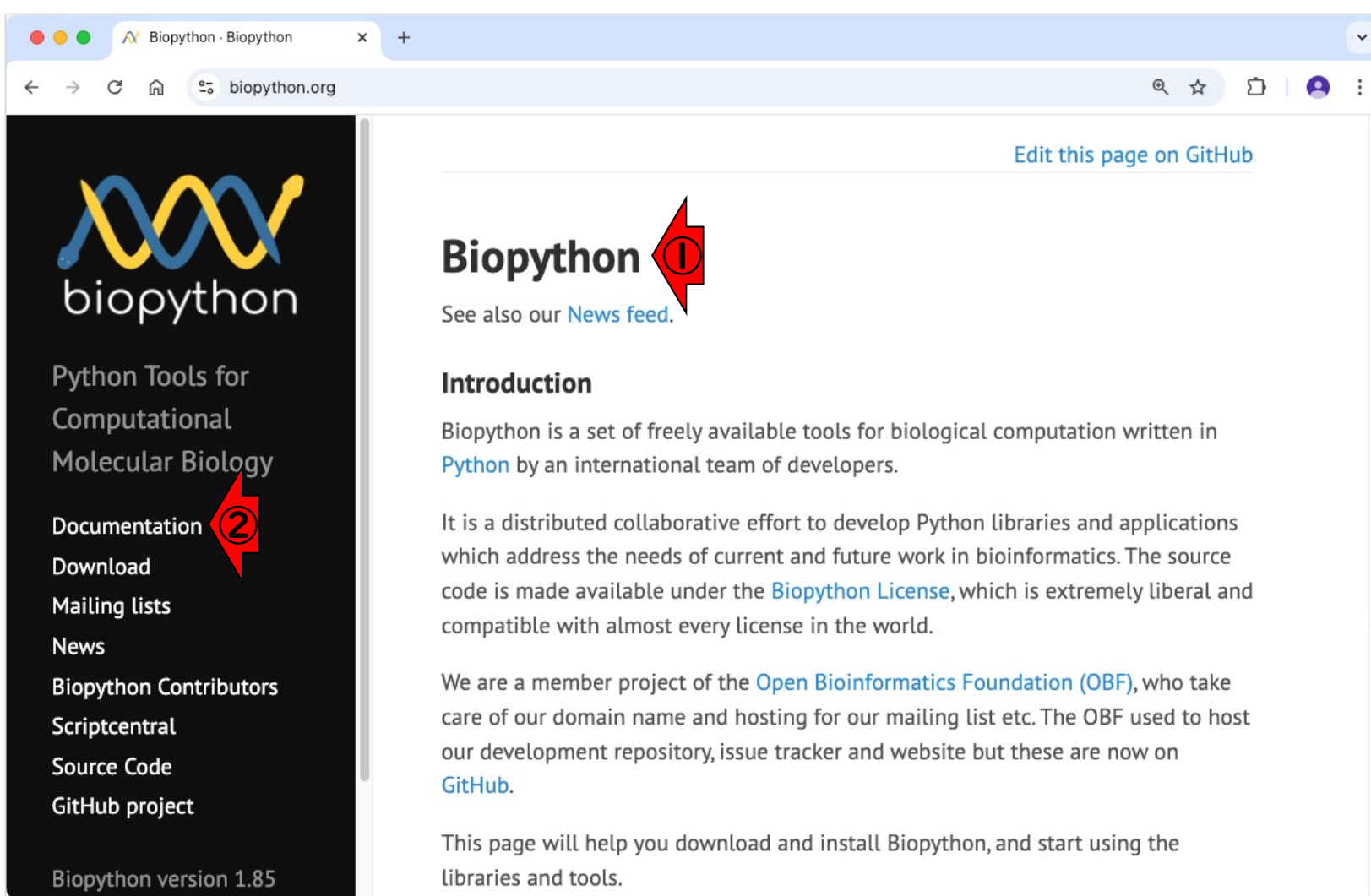
こんな感じ。インストールの基本形は、コマンドプロンプトで④を実行するだけです。つまり、④のコマンドをコピーして、⑤ターミナル上でペーストし、リターン。⑥残念ながらpipコマンドが無いというメッセージ。⑦pipをpip3に変更してリターン。⑧コマンドプロンプトが入力待ち状態になっている状態なので、インストール終了。⑨Successfully installedという記載内容からも、インストールは無事成功したことがわかります。⑩biopythonだけでなく、⑪numpyもインストールされました。この状態で一旦終了してもOKです。

Contents

- Pythonのバージョン確認
- Python本体のインストール
- インストール確認
- Pythonの起動と終了(optional)
- 基本的な利用法(optional)
- パッケージのインストール(optional)
- Biopythonの基本的な利用法(optional)

Biopythonの基本的な利用法I

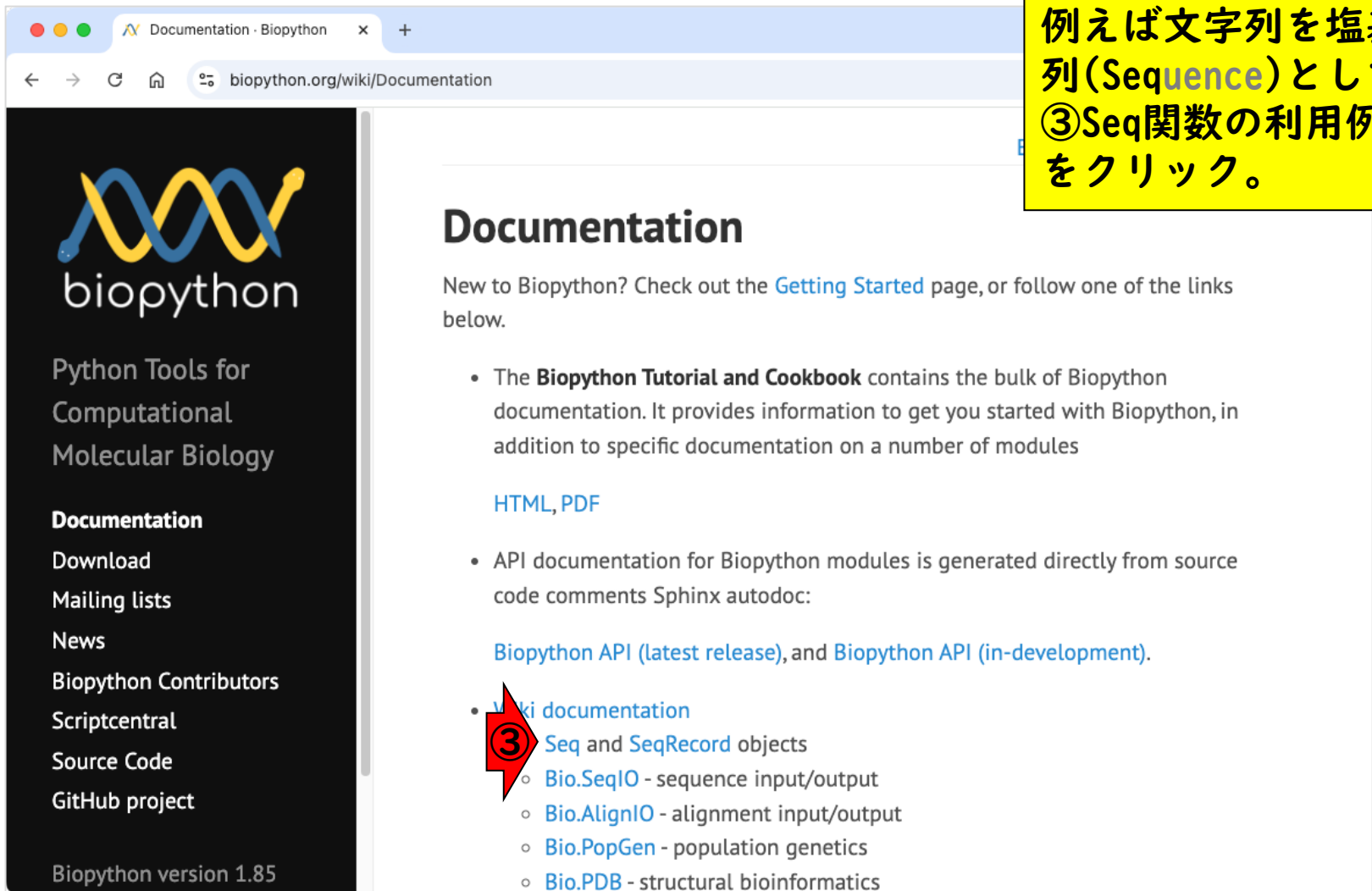
①Biopythonの基本的な利用法を紹介します。②Documentationをクリック。



The screenshot shows the Biopython website homepage. On the left is a dark sidebar with the Biopython logo (a blue and yellow DNA double helix) and the text "biopython". Below the logo, it says "Python Tools for Computational Molecular Biology". A list of links is provided: "Documentation", "Download", "Mailing lists", "News", "Biopython Contributors", "Scriptcentral", "Source Code", and "GitHub project". At the bottom of the sidebar, it says "Biopython version 1.85". A red arrow with a circled "2" points to the "Documentation" link. The main content area has a light blue header with the text "Edit this page on GitHub". Below this is the "Biopython" title, followed by "See also our [News feed](#)". The "Introduction" section follows, stating that Biopython is a set of freely available tools for biological computation written in Python by an international team of developers. It describes it as a distributed collaborative effort to develop Python libraries and applications which address the needs of current and future work in bioinformatics. The source code is made available under the [Biopython License](#), which is extremely liberal and compatible with almost every license in the world. It also mentions that they are a member project of the [Open Bioinformatics Foundation \(OBF\)](#), who take care of their domain name and hosting for their mailing list etc. The OBF used to host their development repository, issue tracker and website but these are now on [GitHub](#). The final paragraph states that the page will help you download and install Biopython, and start using the libraries and tools. A red arrow with a circled "1" points to the "Biopython" title.

Biopythonの基本的な利用法2

①Biopythonの基本的な利用法を紹介します。②Documentationをクリック。ググれば様々な情報が得られますが、例えば文字列を塩基配列やアミノ酸配列(Sequence)として取り扱ってくれる③Seq関数の利用例を見えます。③をクリック。



Documentation · Biopython

biopython.org/wiki/Documentation

Documentation

New to Biopython? Check out the [Getting Started](#) page, or follow one of the links below.

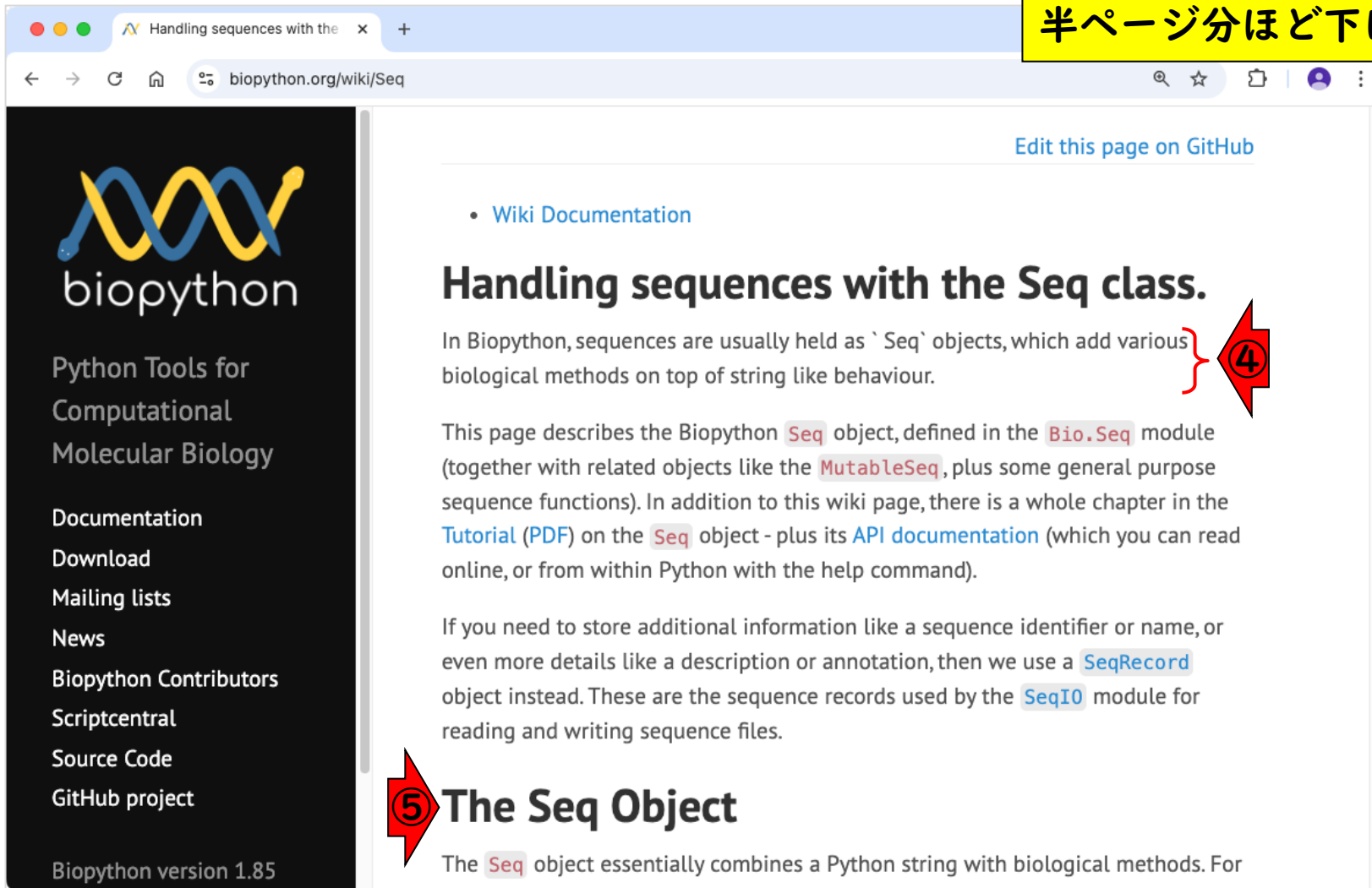
- The **Biopython Tutorial and Cookbook** contains the bulk of Biopython documentation. It provides information to get you started with Biopython, in addition to specific documentation on a number of modules

[HTML](#), [PDF](#)

- API documentation for Biopython modules is generated directly from source code comments Sphinx autodoc:
[Biopython API \(latest release\)](#), and [Biopython API \(in-development\)](#).
- Wiki documentation
 - Seq and SeqRecord objects
 - [Bio.SeqIO](#) - sequence input/output
 - [Bio.AlignIO](#) - alignment input/output
 - [Bio.PopGen](#) - population genetics
 - [Bio.PDB](#) - structural bioinformatics

Biopythonの基本的な利用法3

④ 「Biopythonでは配列を`Seq`オブジェクトとして取り扱う」的なことが書かれています。⑤が見えるように、半ページ分ほど下に移動。



Handling sequences with the

biopython.org/wiki/Seq

Edit this page on GitHub

- Wiki Documentation

Handling sequences with the Seq class.

In Biopython, sequences are usually held as `Seq` objects, which add various biological methods on top of string like behaviour.

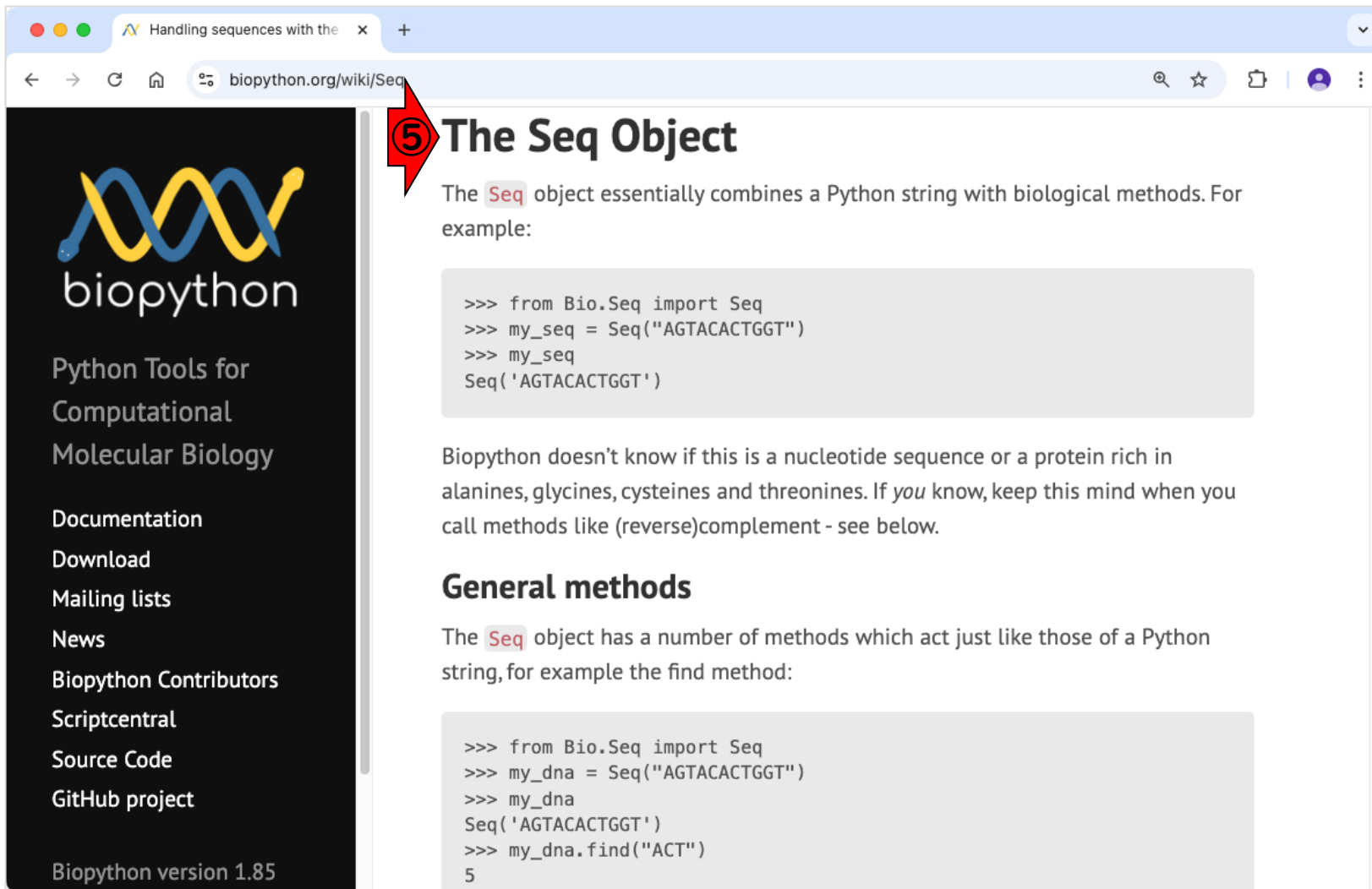
This page describes the Biopython `Seq` object, defined in the `Bio.Seq` module (together with related objects like the `MutableSeq`, plus some general purpose sequence functions). In addition to this wiki page, there is a whole chapter in the [Tutorial \(PDF\)](#) on the `Seq` object - plus its [API documentation](#) (which you can read online, or from within Python with the help command).

If you need to store additional information like a sequence identifier or name, or even more details like a description or annotation, then we use a `SeqRecord` object instead. These are the sequence records used by the `SeqIO` module for reading and writing sequence files.

⑤ The Seq Object

The `Seq` object essentially combines a Python string with biological methods. For

Biopythonの基本的な利用法4



⑤ The Seq Object

The `Seq` object essentially combines a Python string with biological methods. For example:

```
>>> from Bio.Seq import Seq
>>> my_seq = Seq("AGTACACTGGT")
>>> my_seq
Seq('AGTACACTGGT')
```

Biopython doesn't know if this is a nucleotide sequence or a protein rich in alanines, glycines, cysteines and threonines. If *you* know, keep this mind when you call methods like `(reverse)complement` - see below.

General methods

The `Seq` object has a number of methods which act just like those of a Python string, for example the `find` method:

```
>>> from Bio.Seq import Seq
>>> my_dna = Seq("AGTACACTGGT")
>>> my_dna
Seq('AGTACACTGGT')
>>> my_dna.find("ACT")
5
```

Biopythonの基本的な利用法5

こんな感じ。⑥のあたりを眺めて、
「⑥の3行は、コマンドプロンプトでpython3と打ち込んでPython環境にしてから打ち込むコマンド。そして最初の>>>は実際には打ち込まない。」と解釈します。



Python Tools for
Computational
Molecular Biology

Documentation

Download

Mailing lists

News

Biopython Contributors

Scriptcentral

Source Code

GitHub project

Biopython version 1.85

The Seq Object

The **Seq** object essentially combines a Python string with biological methods. For example:



```
>>> from Bio.Seq import Seq
>>> my_seq = Seq("AGTACACTGGT")
>>> my_seq
Seq('AGTACACTGGT')
```

Biopython doesn't know if this is a nucleotide sequence or a protein rich in alanines, glycines, cysteines and threonines. If *you* know, keep this mind when you call methods like (reverse)complement - see below.

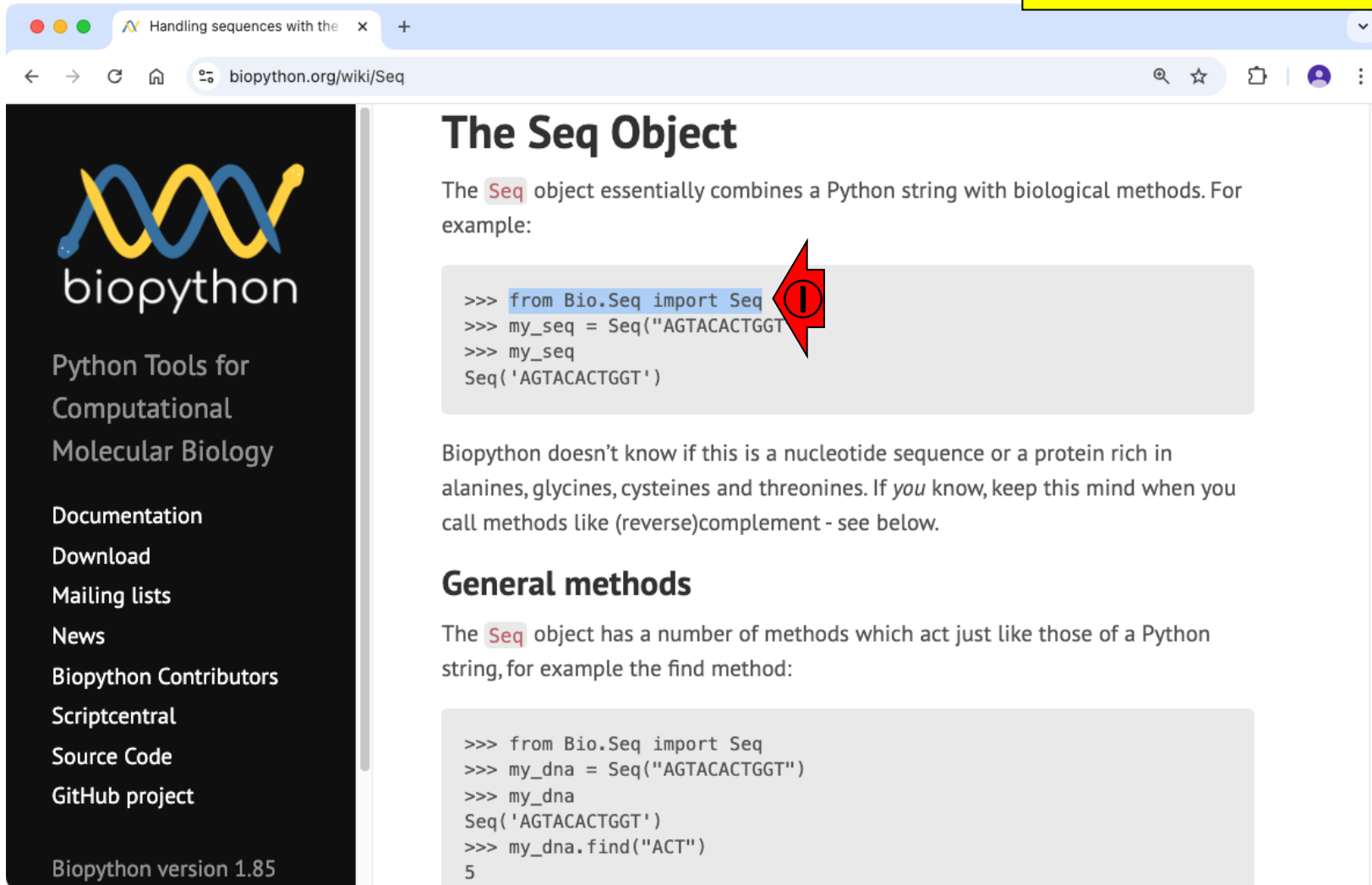
General methods

The **Seq** object has a number of methods which act just like those of a Python string, for example the find method:

```
>>> from Bio.Seq import Seq
>>> my_dna = Seq("AGTACACTGGT")
>>> my_dna
Seq('AGTACACTGGT')
>>> my_dna.find("ACT")
5
```

Biopythonの基本的な利用法6

まずは、BiopythonのSeq関数を利用できるようにロードすべく、①反転部分をコピー。



The screenshot shows the Biopython website. On the left is a sidebar with the Biopython logo and navigation links: Python Tools for Computational Molecular Biology, Documentation, Download, Mailing lists, News, Biopython Contributors, Scriptcentral, Source Code, GitHub project, and Biopython version 1.85. The main content area is titled 'The Seq Object'. It explains that the Seq object combines a Python string with biological methods. Below this is a code example for creating a Seq object, with a red arrow pointing to the import statement. Further down, it mentions that Biopython doesn't know if the sequence is a nucleotide or protein and provides a second code example showing the find method.

The Seq Object

The **Seq** object essentially combines a Python string with biological methods. For example:

```
>>> from Bio.Seq import Seq
>>> my_seq = Seq("AGTACACTGGT")
>>> my_seq
Seq('AGTACACTGGT')
```

Biopython doesn't know if this is a nucleotide sequence or a protein rich in alanines, glycines, cysteines and threonines. If *you* know, keep this mind when you call methods like (reverse)complement - see below.

General methods

The **Seq** object has a number of methods which act just like those of a Python string, for example the find method:

```
>>> from Bio.Seq import Seq
>>> my_dna = Seq("AGTACACTGGT")
>>> my_dna
Seq('AGTACACTGGT')
>>> my_dna.find("ACT")
5
```


Biopythonの基本的な利用法7

まずは、BiopythonのSeq関数を利用できるようにロードすべく、①反転部分をコピー。ターミナルで②python3と打ち込んでPython環境(つまり③>>>が見える状態)にした状態で…

```
student — Python — 70x23
Last login: ②nd Apr 16 17:08:14 on ttys000
~ % python3
Python 3.13.3 (v3.13.3:6280bb54784, Apr  8 2025, 10:47:54) [Clang 15.0
.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for more information.
>>> ③
```

Biopythonの基本的な利用法8

```
student — Python — 70x23
Last login: Wed Apr 16 17:08:14 on ttys000
~ % python3
Python 3.13.3 (v3.13.3:6280bb54784, Apr  8 2025, 10:4
.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for
[>>> from Bio.Seq import Seq ④
>>> █
```

まずは、BiopythonのSeq関数を利用できるようにロードすべく、①反転部分をコピー。ターミナルで②python3と打ち込んでPython環境(つまり③>>>が見える状態)にした状態で、④ペーストしてリターン。特にエラーが出ていないことから、BiopythonのSeq関数が利用できるようになりました。

Biopythonの基本的な利用法9

①は、AGTACACTGGTという文字列を、Seq関数で読み込むことで、`Seq`オブジェクトにした状態でmy_seqに格納せよというコマンドです。②は、この段階ではまだBiopythonは塩基配列なのかアミノ酸配列なのかはわからない的なことを書いています。直感的にはAGTACACTGGTは塩基配列ですが、アミノ酸配列の可能性もあるからです(Aはアラニン、Cはシステイン、Gはグリシン、Tはスレオニン)。

The Seq Object

The `Seq` object essentially combines a Python string with biological information. Here is an example:

```
>>> from Bio.Seq import Seq
>>> my_seq = Seq("AGTACACTGGT")
>>> my_seq
Seq('AGTACACTGGT')
```



Biopython doesn't know if this is a nucleotide sequence or a protein rich in alanines, glycines, cysteines and threonines. If you know, keep this mind when you call methods like (reverse)complement - see below.



General methods

The `Seq` object has a number of methods which act just like those of a Python string, for example the find method:

```
>>> from Bio.Seq import Seq
>>> my_dna = Seq("AGTACACTGGT")
>>> my_dna
Seq('AGTACACTGGT')
>>> my_dna.find("ACT")
5
```



Python Tools for
Computational
Molecular Biology

Documentation

Download

Mailing lists

News

Biopython Contributors

Scriptcentral

Source Code

GitHub project

Biopython version 1.85

Biopythonの基本的な…10

```
student — Python — 70x23
Last login: Wed Apr 16 17:08:14 on ttys000
~ % python3
Python 3.13.3 (v3.13.3:6280bb54784, Apr  8 2025, 10:4
.0 (clang-1500.3.9.4)] on darwin
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for
>>> from Bio.Seq import Seq
>>> my_seq = Seq("AGTACACTGGT")
>>> my_seq
Seq('AGTACACTGGT')
```

①は、AGTACACTGGTという文字列を、Seq関数で読み込むことで、`Seq`オブジェクトにした状態でmy_seqに格納せよというコマンドです。②は、この段階ではまだBiopythonは塩基配列なのかアミノ酸配列なのかはわからない的なことを書いています。直感的にはAGTACACTGGTは塩基配列ですが、アミノ酸配列の可能性もあるからです(Aはアラニン、Cはシステイン、Gはグリシン、Tはスレオニン)。さきほどの①とそのすぐ下のコマンドを実行した結果。赤枠内が実際にコピペ実行したものになります。

Biopythonの基本的な…！！

ここまでで、①灰色部分全体と、②実際に打ち込んだ赤枠内との関係がわかりました。このノリで、③以降を解説を見ながら順を追って理解していくとよいと思います。



Python Tools for
Computational
Molecular Biology

Documentation

Download

Mailing lists

News

Biopython Contributors

Scriptcentral

Source Code

GitHub project

Biopython version 1.85

The Seq Object

The `Seq` object essentially combines a Python string with biological methods. For example:

① {
>>> from Bio.Seq import Seq
>>> my_seq = Seq("AGTACACTGGT")
>>> my_seq
Seq('AGTACACTGGT')
②

Biopython doesn't know if this is a nucleotide sequence or a protein rich in alanines, glycines, cysteines and threonines. If *you* know, keep this mind when you use all methods like (reverse)complement - see below.

③ General methods

The `Seq` object has a number of methods which act just like those of a Python string, for example the find method:

```
>>> from Bio.Seq import Seq  
>>> my_dna = Seq("AGTACACTGGT")  
>>> my_dna  
Seq('AGTACACTGGT')  
>>> my_dna.find("ACT")  
5
```