

R本体は最新のリリース版、Rパッケージは「必要最小限プラスアルファ」の推奨インストール手順を示します。このスライドはMacOS Monterey Ver.12.3.1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ユニット

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
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- インストール確認
- エラーへの対処

事前準備

全て自己責任のもとでということにはなりますが、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。そのため、Mac用のアプリケーションを削除する「appcleaner」を検索します。

appcleaner - Google 検索

google.com/search?q=appcleaner&oq=AppClean&aq

Google appcleaner

https://appcleaner.softonic.jp › mac ▾

AppCleaner for Mac - 無料・ダウンロード

2022/01/17 — AppCleaner (アップクリーナー) は、手軽にアプリケーションやプラグイン、スクリーンセーバーなどを削除できるアンインストーラーです。

★★★★★ 評価: 7/10 · 873 票 · 無料 · Mac OS · ユーティリティ/ツール

https://tcd-theme.com › 2020/12 › app-cleaner ▾

【Mac】AppCleanerを使って不要なアプリをアン ...

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 ...

https://freemacsoft.net › appcleaner ▾ このページを訳す

AppCleaner - FreeMacSoft

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

https://designerbrg.com › 制作関連 › ツール ▾

「AppCleaner」の使い方とインストール方法。安全性と注意 ...

2022/03/10 — MACで対象アプリを「ゴミ箱へ移動する」で削除できない場合は、完全にアンインストールするのが簡単便利な無料ソフト「AppCleaner」を使用しましょう ...

「AppCleaner」のインストール方法 · 「AppCleaner」は安全か? · 「AppCleaner」の使い方

事前準備

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AppCleanerを使用するため、プログラム①ダウンロードします。



AppCleaner for Mac - 無料・ダ... x +

appcleaner.softonic.jp/mac

softonic アプリ ゲーム 特集

Mac » ユーティリティとツール » AppCleaner

Mac用 **AppCleaner**

✓ 無料 ✓ で日本語 v.2.3

3.7 ★★★★★ (873) ✓ セキュリティステータス

無料ダウンロード

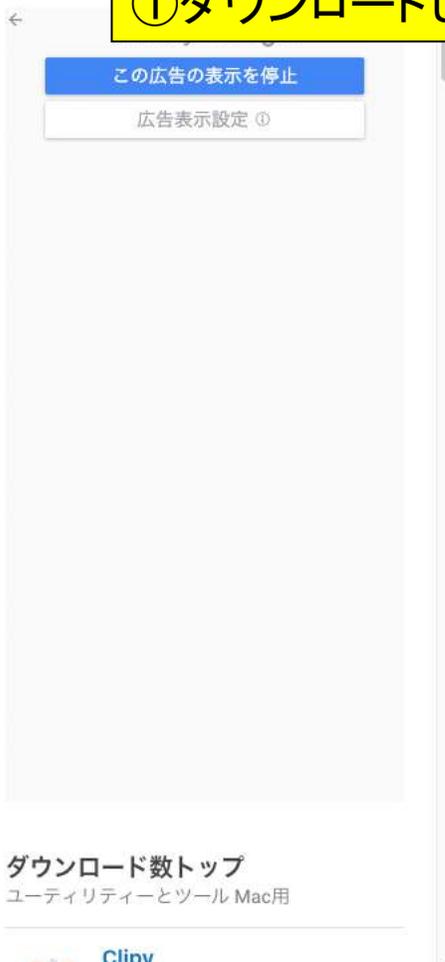
Mac向けのアプリ

Softonic のレビュー

**簡単操作で関連ファイルもまとめてアンインストール！
手軽に操作できるのが魅力！**

AppCleaner（アップクリーナー）は、手軽にアプリケーションやプラグイン、スクリーンセーバーなどを削除できるアンインストーラーです。通常Macではアプリのファイルをゴミ箱に移動するだけで削除できます。ただし、アプリの初期設定や環境設定などの情報は残ったままになります。これらのアプリに関連するファイルもまとめてきれいにアンインストールしてくれるのがAppCleanerです。アプリが増えてきたらAppCleanerを使って整理してみたいはいかがでしょうか。Mac初心者も簡単かつ安全にアプリをアンインストールすることができます。

AppCleanerの画面は「アンインストール」「アプリケーション」などのアイコンと、アプリをドラッグするエリアのみのシンプルな構成です。アンインストールを行うには、アプリをドラッグエリアにドラッグします。すると、ウィンドウが回転してアプリに関連するファイル一覧が表示されます。チェックが付いているファイルが削除されるので、削除して問題ないか確認しましょう。「削除」をクリックするとすぐにファイルが削除されます。削除もスピーディで待たされるストレスを感じることは少ないでしょう。



この広告の表示を停止

広告表示設定 ⓘ

ダウンロード数トップ

ユーティリティとツール Mac用

Clipv

事前準備

The screenshot shows a web browser window with the URL <https://appcleaner.softonic.jp/mac/download>. The page title is 'ダウンロード AppCleaner (Mac)'. The breadcrumb trail is 'Mac > ユーティリティとツール > AppCleaner > ダウンロード'. The main content area features a green button labeled '無料ダウンロード' with a download icon and the text 'Mac向けのアプリ'. A red arrow with the number '1' points to this button. To the right, there is an advertisement for TeamViewer with the title 'パソコンを遠隔操作' and a blue '無料ダウンロード' button. Below the main download button, there is an information icon and text: '無料ダウンロードをクリックすると、以下が実行されます。' followed by two bullet points: 'ダウンロードを完了するため、外部Webサイトへリダイレクトされます。' and 'ダウンロードに問題が発生した場合は、こちらからご連絡ください。' At the bottom, there is a section titled '新しいアプリ' with two cards: 'WinRAR' (完璧なアーカイブと圧縮ツール) and 'Etcher' (Etcherでフラッシュするシンプルで無料のOSイメージ).

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。

freemacsoft

AppCleaner LiteIcon Tiles Contact Donate

AppCleaner

Drop your apps here.

AppCleaner is a small application which allows you to thoroughly uninstall unwanted apps.

Installing an application distributes many files throughout your System using space of your Hard Drive unnecessarily. AppCleaner finds all these small files and safely deletes them.

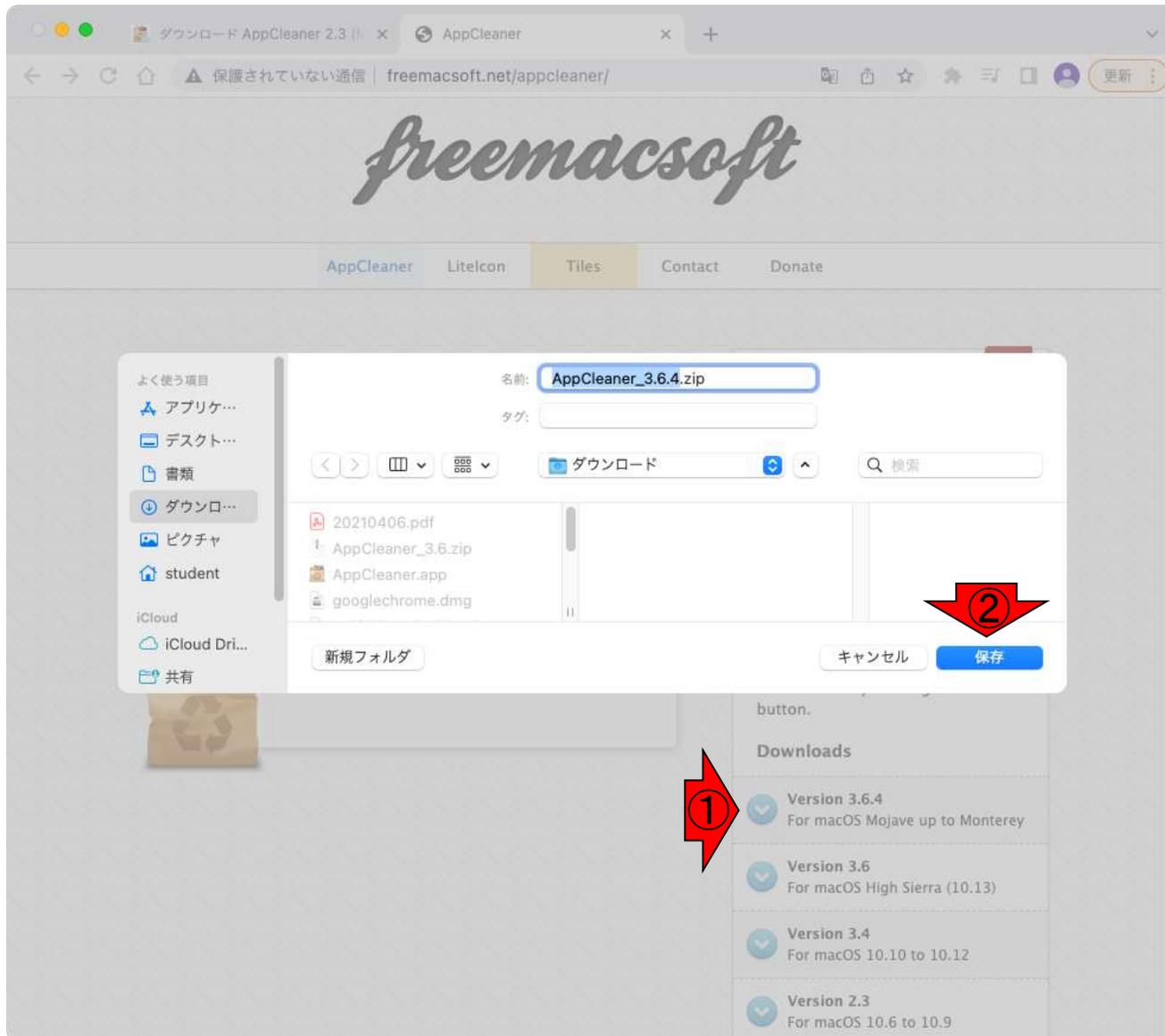
Simply drop an application onto the AppCleaner window. It will find for the related files and you can delete them by clicking the delete button.

Downloads

- Version 3.6.4
For macOS Mojave up to Monterey
- Version 3.6
For macOS High Sierra (10.13)
- Version 3.4
For macOS 10.10 to 10.12
- Version 2.3
For macOS 10.6 to 10.9

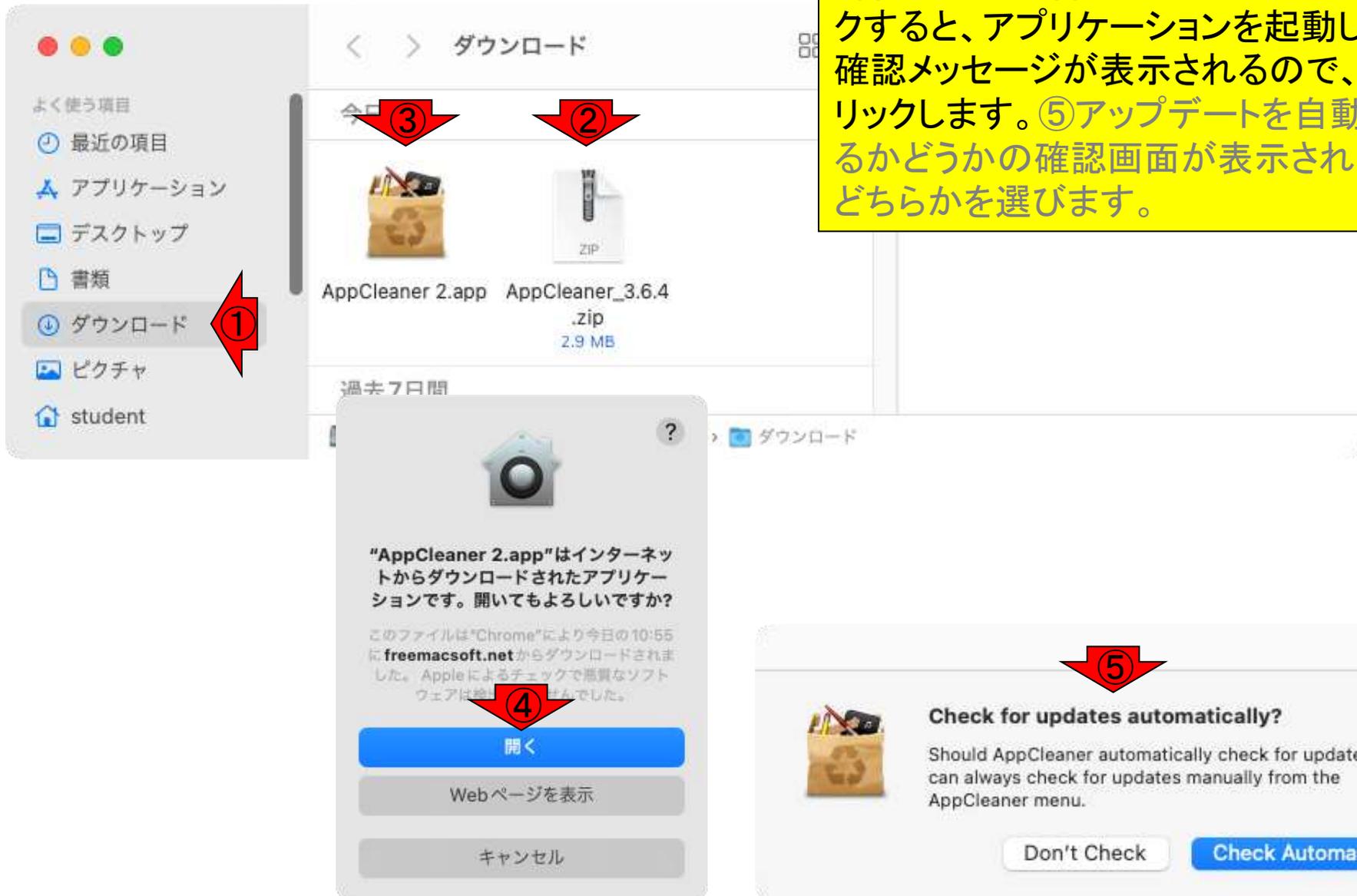
事前準備

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。

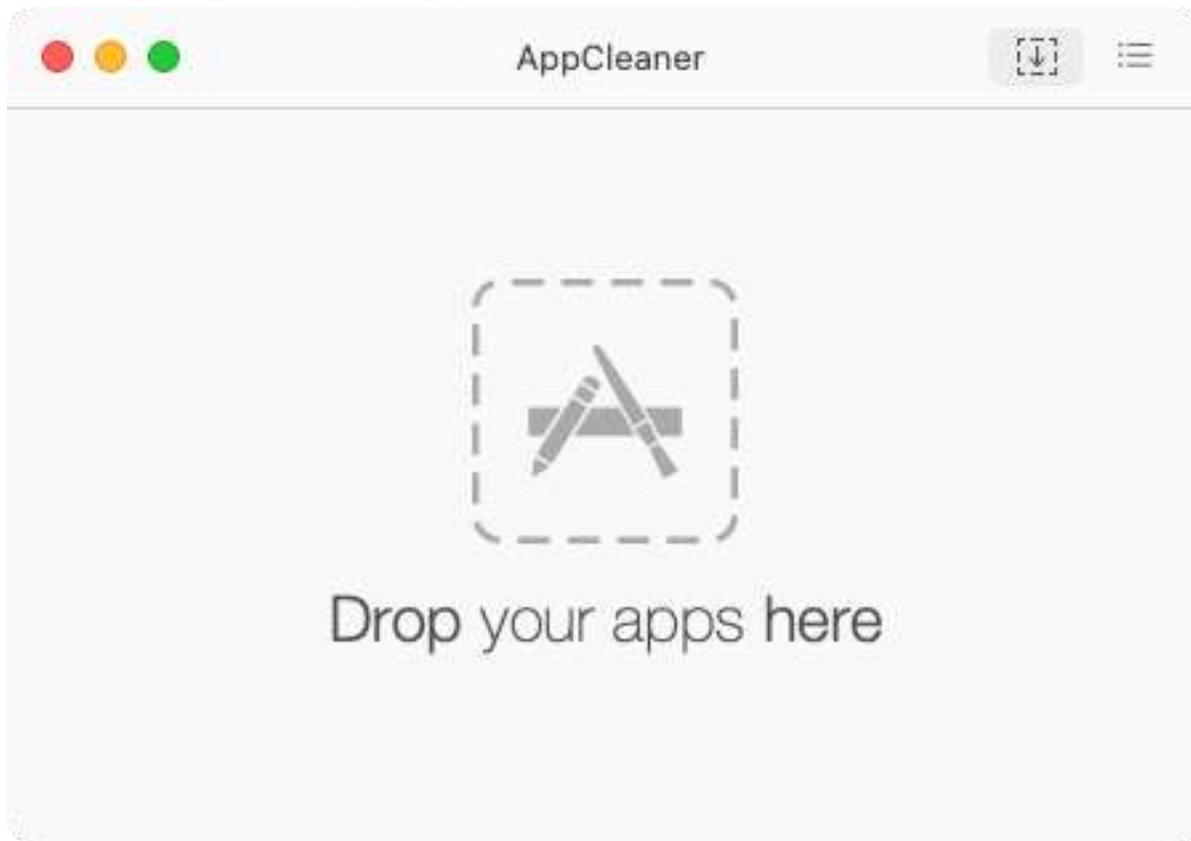


事前準備

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)すると、③AppCleaner2.appができました。③をダブルクリックすると、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、好みでどちらかを選びます。

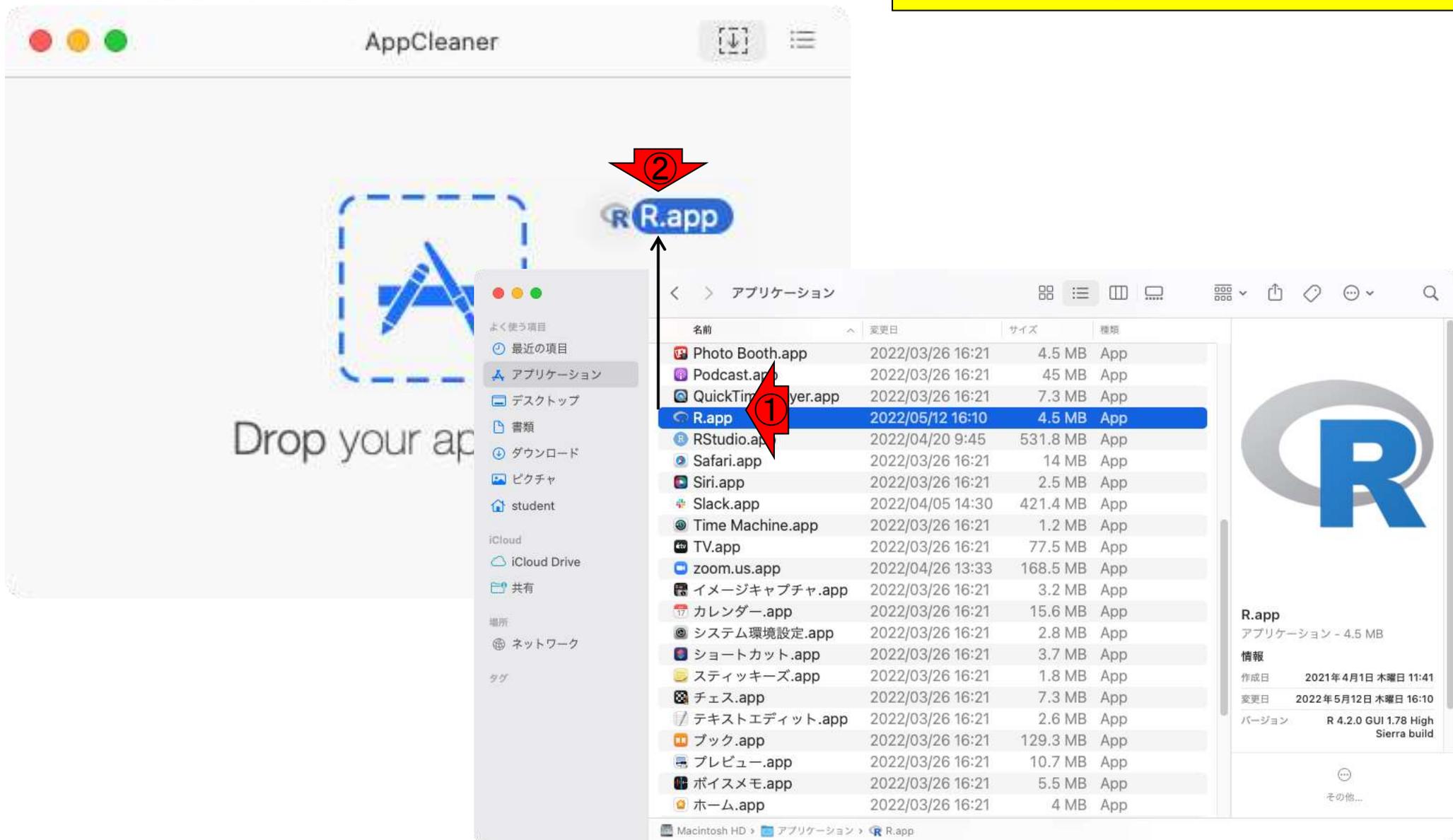


事前準備



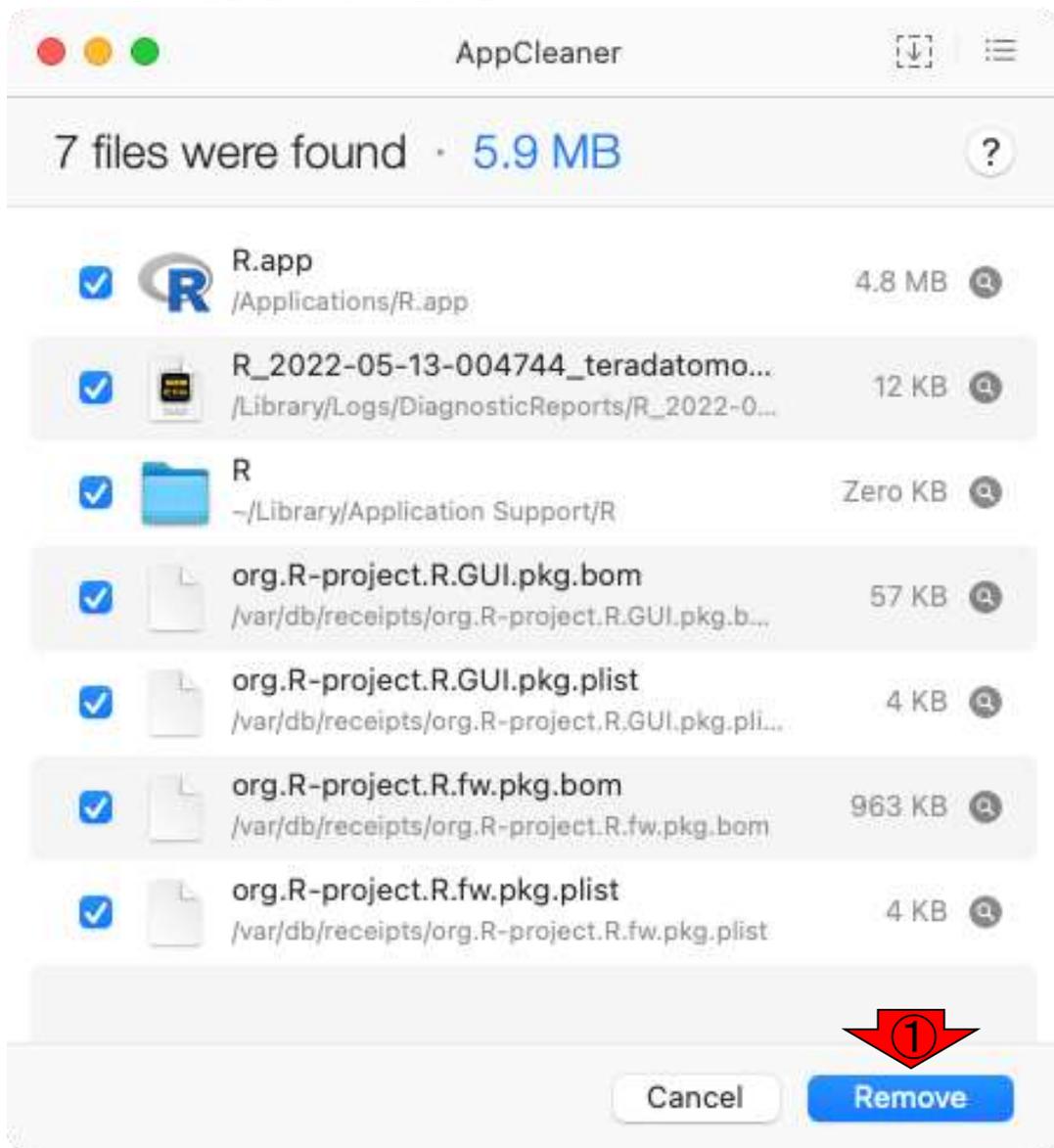
事前準備

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。

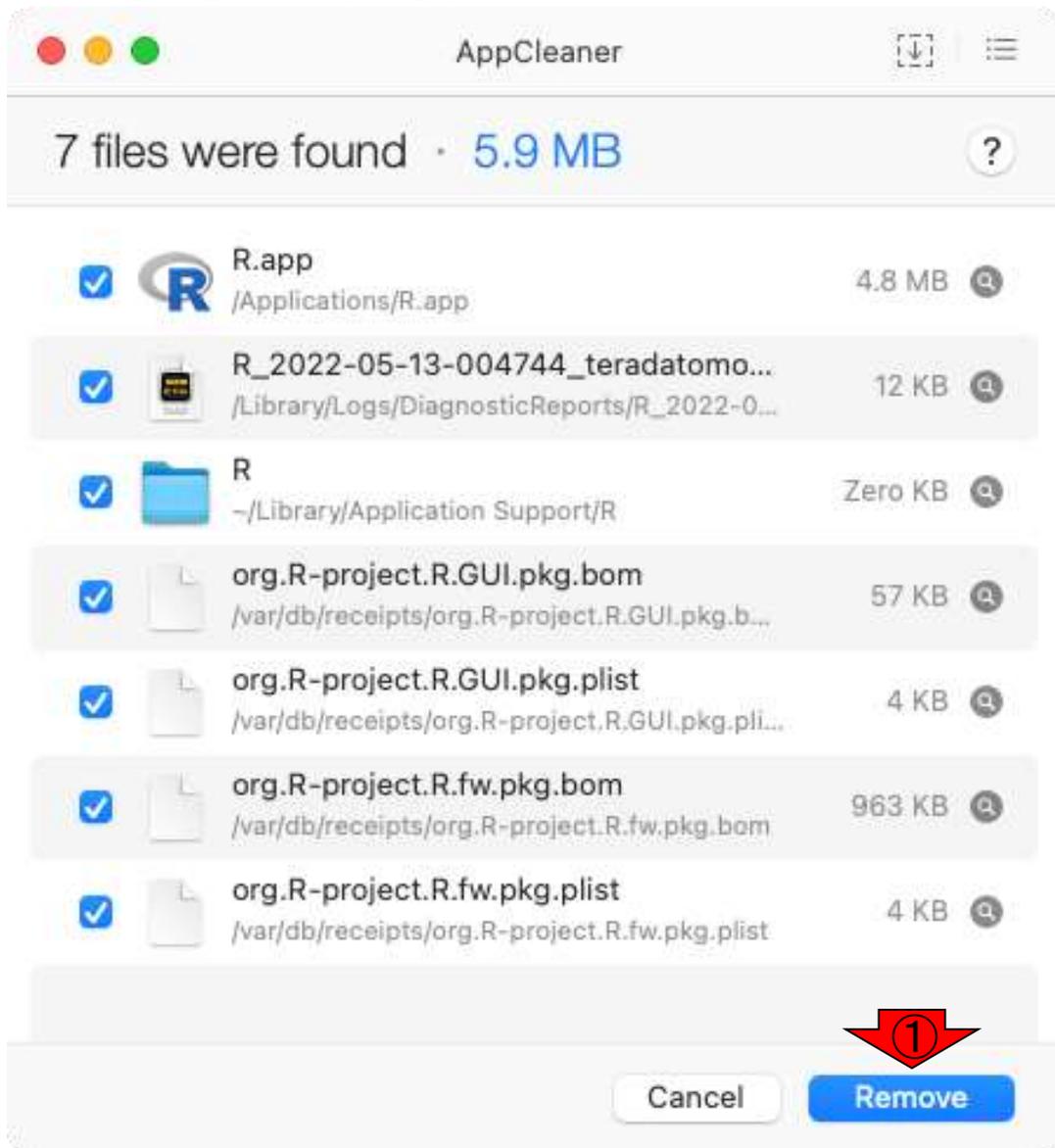


事前準備

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。



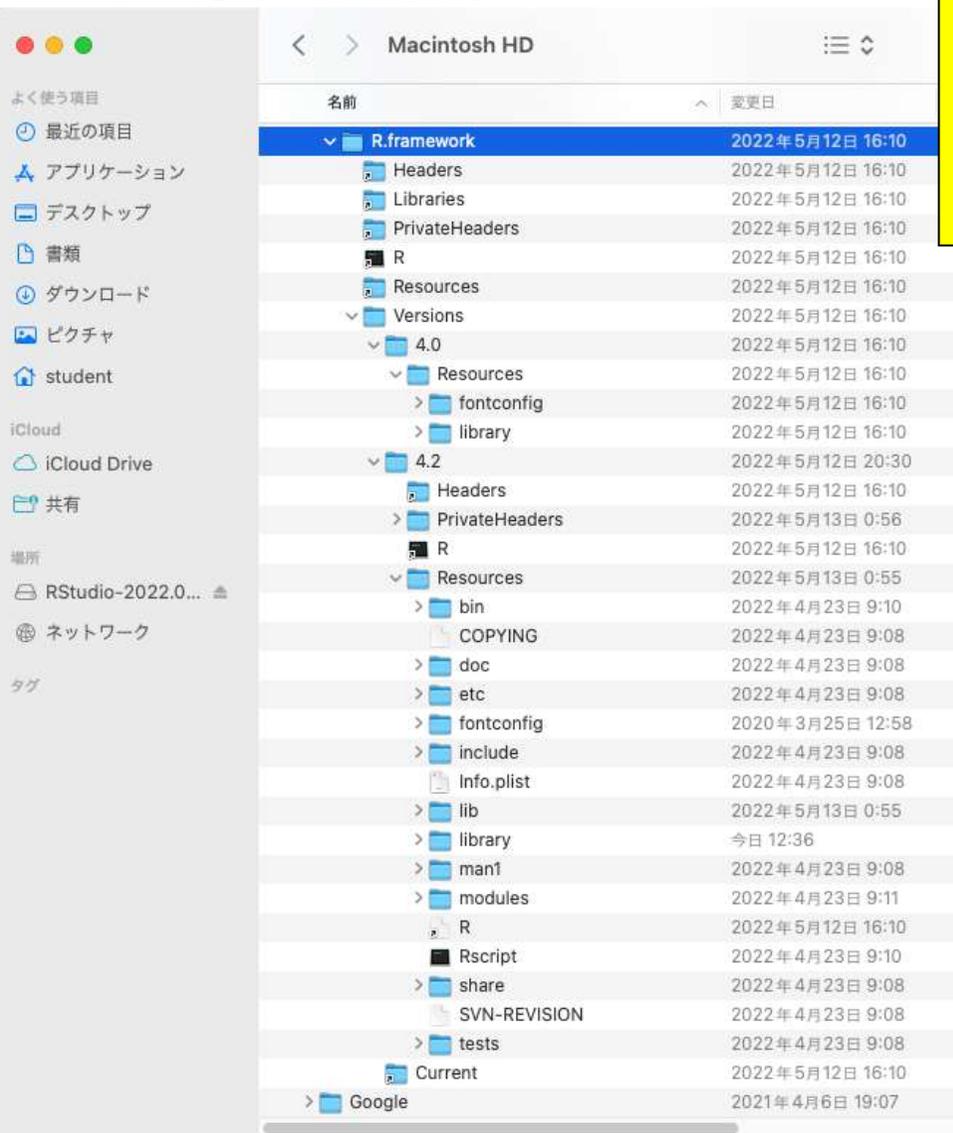
事前準備

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③Frameworks
④R.frameworkの中にパッケージ群はあります。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、「/Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.0/」をフォルダごと削除します。



R.framework
フォルダ - 9.11 GB

情報

作成日	2021年2月16日 火曜日 10:43
変更日	2022年5月12日 木曜日 16:10
最後に開いた日	2022年5月12日 14:39

タグ

タグを追加...

その他...



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
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- インストール確認
- エラーへの対処

R本体のインストール

R本体は、最新版(リリース版)のインストールが基本です。
①画面をスクロールダウンし、
②インストールについて、の③
Mac用をクリックします。

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2022/05/11, since 2010)

このウェブページの多くは、[インストール | についての推奨手順](#) ([Windows2022.03.31版](#)と[Macintosh2021.04.01版](#))に従ってフリーソフトRと必要なパッケージをインストール済みであるという前提で記述しています。初心者の方は[基本的な利用法](#) (Windows2022.04.03版の[PPTX](#)と[PDF](#) ; Macintosh2020.03.13版の[PPTX](#)と[PDF](#))で自習してください。

[@Agribio_utokyo](#)さんをフォロー

、[アグリバイオ](#)、[\(Rで\)塩基配列解析のサブページ](#)、[生命情報解析研究室](#)

What's new? (過去のお知らせはこちら)

- 「インストール | Rパッケージ | [必要最小限プラスアルファ](#)」情報を更新しました。BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38パッケージをコメントアウトしていたのですが、機能ゲノム学の講義で使っていることが判明したので、コメントアウトを外しました。(2022/05/11) **NEW**
- 「解析 | 一般 | [パターンマッチング](#)」の例題5の入力 `data_seqlogo1.fasta`。(中村 弘太 氏提供情報)(2022/05/08) **NEW**
- [東京大学・大学院農学生命科学研究科・応用生命工](#) 月28日(土)に開催します。(2022/05/08) **NEW**
- R ver. 4.0.5で[TCC](#)パッケージのインストールがコケたので、[DESeq2](#)がさらに内部的に利用している[locfit](#)がR ver. 4.0.5の最新版では動作しなくなりました。現在の最新版はR ver. 4.2.0ですのでそれをインストールしてください。(2022/05/01) **NEW**
- 「解析 | 発現変動 | 2群間 | 対応なし | 複製なし | 1対1比較」のページが、[涼眸 氏提供情報](#)(2022/04/29) **NEW**

- [はじめに](#) (last modified 2022/03/28)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2022/04/26) **NEW**
- [インストール | について](#) (last modified 2022/03/31) **②**
- インストール | R本体とRStudio | 最新版 | [Win用](#) (last modified 2022/05/01)推奨 **NEW**
- インストール | R本体とRStudio | 最新版 | [Mac用](#) (last modified 2022/03/28)推奨 **③**
- インストール | R本体 | 過去版 | [Win用](#) (last modified 2015/03/22)
- インストール | R本体 | 過去版 | [Mac用](#) (last modified 2015/03/22)
- [インストール | Rパッケージ | について](#) (last modified 2018/11/13)

R本体のインストール

①Rのウェブページにアクセスします。右下のページ②で、下の方に移動すると、*.pkgが見られます。

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03月28日現在の最新版は、[R-4.1.3.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）

R for macOS

This directory contains binaries for a base distribution and packages to run on macOS. Releases for old Mac OS X systems (through Mac OS X 10.5) and PowerPC Macs can be found in the [old](#) directory.

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

Package binaries for R versions older than 3.2.0 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.

R 4.2.0 "Vigorous Calisthenics" released on 2022/04/22

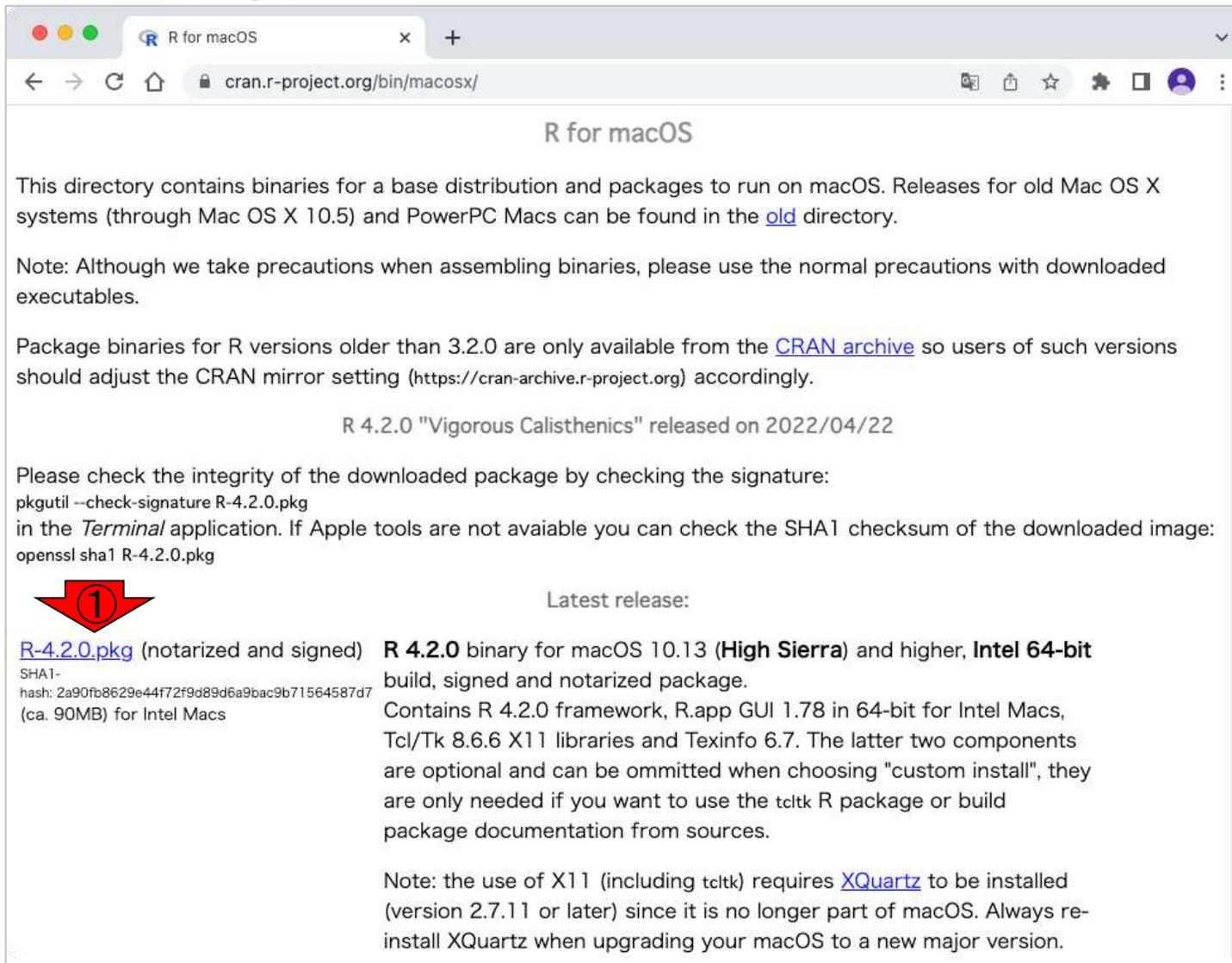
Please check the integrity of the downloaded package by checking the signature:
pkgutil --check-signature R-4.2.0.pkg
in the *Terminal* application. If Apple tools are not available you can check the SHA1 checksum of the downloaded image:
openssl sha1 R-4.2.0.pkg

Latest release:

[R-4.2.0.pkg](#) (notarized and signed) R 4.2.0 binary for macOS 10.13 (High Sierra) and higher, Intel 64-bit build, signed and notarized package.
Contains R 4.2.0 framework, R.app GUI 1.78 in 64-bit for Intel Macs,

R本体のインストール

最新版の①R-4.X.Y.pkgをクリックします。



The screenshot shows a web browser window with the address bar displaying `cran.r-project.org/bin/macosx/`. The page title is "R for macOS". The main content includes a description of the directory, a note about precautions, and instructions for checking package integrity. A red arrow with a circled '1' points to the "R-4.2.0.pkg" link. The "Latest release:" section describes the R 4.2.0 binary for macOS 10.13 (High Sierra) and higher, Intel 64-bit build, signed and notarized package. It also includes a note about X11 requirements.

This directory contains binaries for a base distribution and packages to run on macOS. Releases for old Mac OS X systems (through Mac OS X 10.5) and PowerPC Macs can be found in the [old](#) directory.

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

Package binaries for R versions older than 3.2.0 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.

R 4.2.0 "Vigorous Calisthenics" released on 2022/04/22

Please check the integrity of the downloaded package by checking the signature:
`pkgutil --check-signature R-4.2.0.pkg`
in the *Terminal* application. If Apple tools are not available you can check the SHA1 checksum of the downloaded image:
`openssl sha1 R-4.2.0.pkg`

 [R-4.2.0.pkg](#) (notarized and signed) **R 4.2.0** binary for macOS 10.13 (**High Sierra**) and higher, **Intel 64-bit** build, signed and notarized package.

SHA1-
hash: 2a90fb8629e44f72f9d89d6a9bac9b71564587d7
(ca. 90MB) for Intel Macs

Contains R 4.2.0 framework, R.app GUI 1.78 in 64-bit for Intel Macs, Tcl/Tk 8.6.6 X11 libraries and Texinfo 6.7. 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.

Note: the use of X11 (including `tcltk`) requires [XQuartz](#) to be installed (version 2.7.11 or later) since it is no longer part of macOS. Always re-install XQuartz when upgrading your macOS to a new major version.

R本体のインストール

最新版の①R-4.X.Y.pkgをクリックします。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 a browser window at cran.r-project.org/bin/macosx/. The page content includes instructions for downloading R binaries for macOS. A file save dialog is overlaid on the page, showing a list of files. The file **R-4.2.0.pkg** is selected, and the save location is set to **ダウンロード** (Downloads). A red arrow with the number 1 points to the file name, and another red arrow with the number 2 points to the **保存** (Save) button.

This directory contains binaries for a base distribution and packages to run on macOS. Releases for old Mac OS X systems (through Mac OS X 10.5) and PowerPC Mac OS X systems (through Mac OS X 10.4) are also available.

Note: Although we take precautions when assembling binaries, they are not guaranteed to be executable on all systems.

Note: Although we take precautions when assembling binaries, they are not guaranteed to be executable on all systems.

Package binaries for R versions older than 3.2.0 are not guaranteed to be executable on all systems. You should adjust the CRAN mirror setting (<https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/sect4.html>) to use a mirror that provides binaries for your system.

R 4.2.0 "Vigorous" build, signed and notarized. Contains R 4.2.0, Tcl/Tk 8.6.6 X11, and optional packages. Only needed if you want to use the `tktk` R package or build package documentation from sources.

Please check the integrity of the downloaded package in the `Terminal` application. If Apple tools are not available, use `openssl sha1 R-4.2.0.pkg` and compare the output with the SHA1 hash provided below.

R-4.2.0.pkg (notarized and signed)
SHA1-hash: 2a90fb8629e44f72f9d89d6a9bac9b71564587d7 (ca. 90MB) for Intel Macs

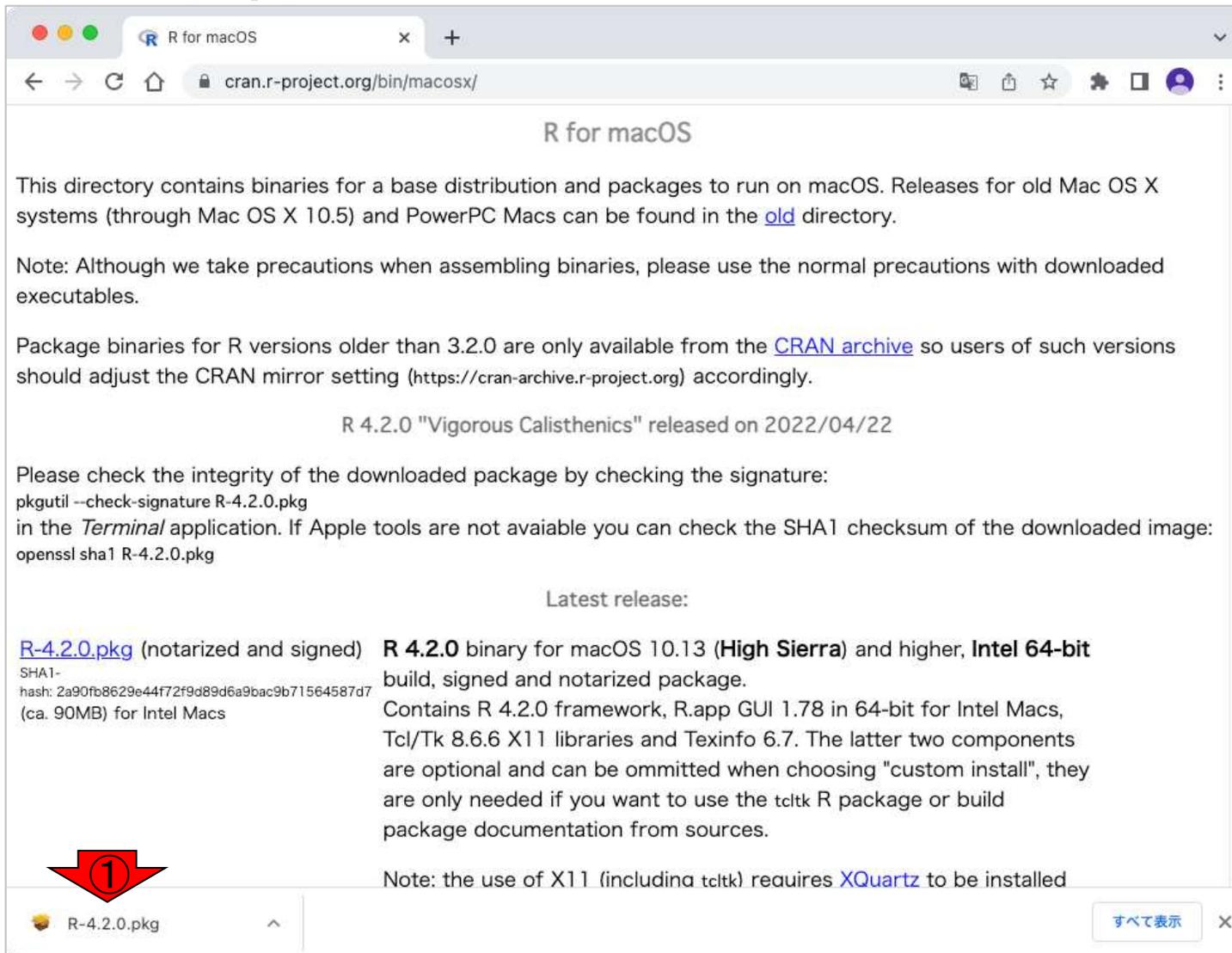
R 4.2.0 binary build, signed and notarized. Contains R 4.2.0, Tcl/Tk 8.6.6 X11, and optional packages. Only needed if you want to use the `tktk` R package or build package documentation from sources.

Note: the use of X11 (including `tktk`) requires [XQuartz](#) to be installed (version 2.7.11 or later) since it is no longer part of macOS. Always re-install XQuartz when upgrading your macOS to a new major version.

are optional and can be omitted when choosing "custom install", they are only needed if you want to use the `tktk` R package or build package documentation from sources.

Note: the use of X11 (including `tktk`) requires [XQuartz](#) to be installed (version 2.7.11 or later) since it is no longer part of macOS. Always re-install XQuartz when upgrading your macOS to a new major version.

R本体のインストール



R for macOS

This directory contains binaries for a base distribution and packages to run on macOS. Releases for old Mac OS X systems (through Mac OS X 10.5) and PowerPC Macs can be found in the [old](#) directory.

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

Package binaries for R versions older than 3.2.0 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.

R 4.2.0 "Vigorous Calisthenics" released on 2022/04/22

Please check the integrity of the downloaded package by checking the signature:
`pkgutil --check-signature R-4.2.0.pkg`
in the *Terminal* application. If Apple tools are not available you can check the SHA1 checksum of the downloaded image:
`openssl sha1 R-4.2.0.pkg`

Latest release:

[R-4.2.0.pkg](#) (notarized and signed) **R 4.2.0** binary for macOS 10.13 (High Sierra) and higher, **Intel 64-bit** build, signed and notarized package.
SHA1-
hash: 2a90fb8629e44f72f9d89d6a9bac9b71564587d7
(ca. 90MB) for Intel Macs
Contains R 4.2.0 framework, R.app GUI 1.78 in 64-bit for Intel Macs, Tcl/Tk 8.6.6 X11 libraries and Texinfo 6.7. 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.

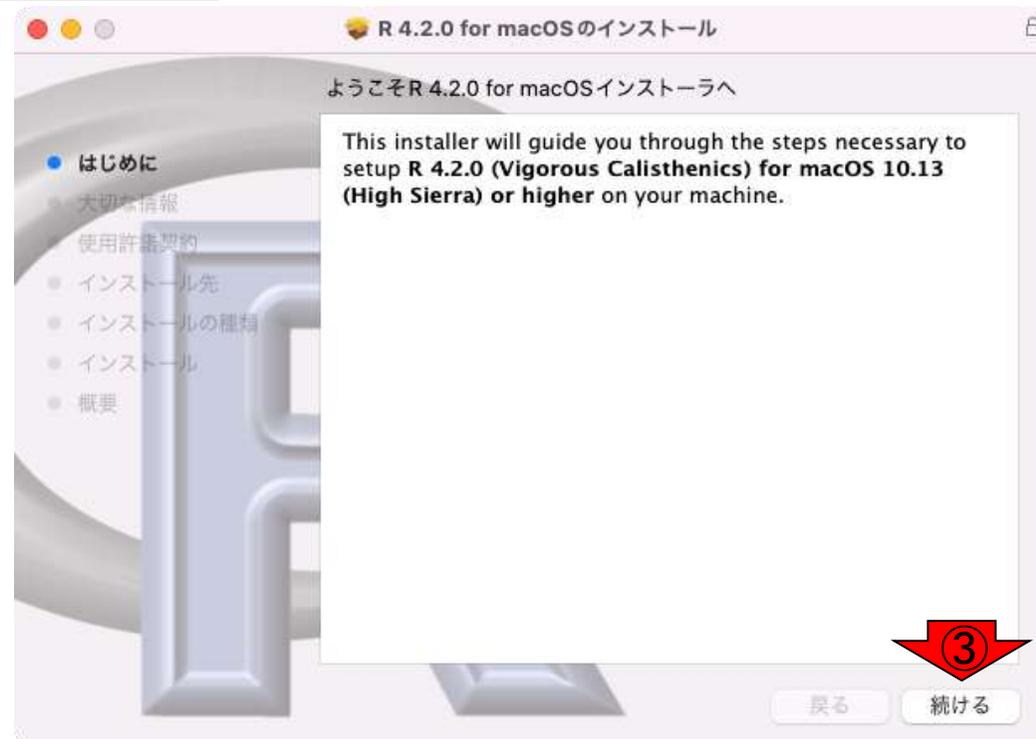
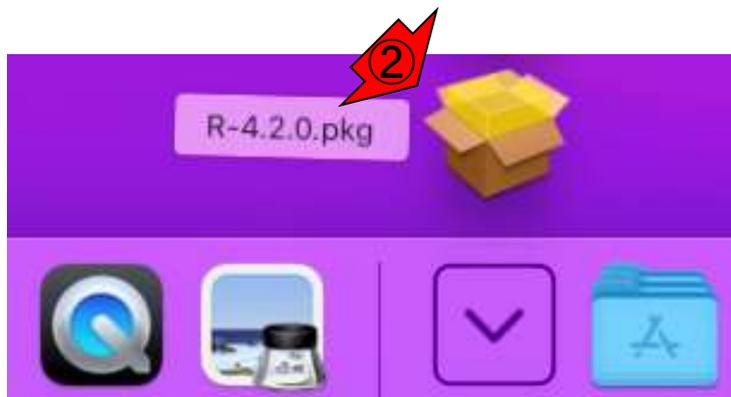
Note: the use of X11 (including tcltk) requires [XQuartz](#) to be installed

R-4.2.0.pkg

すべて表示

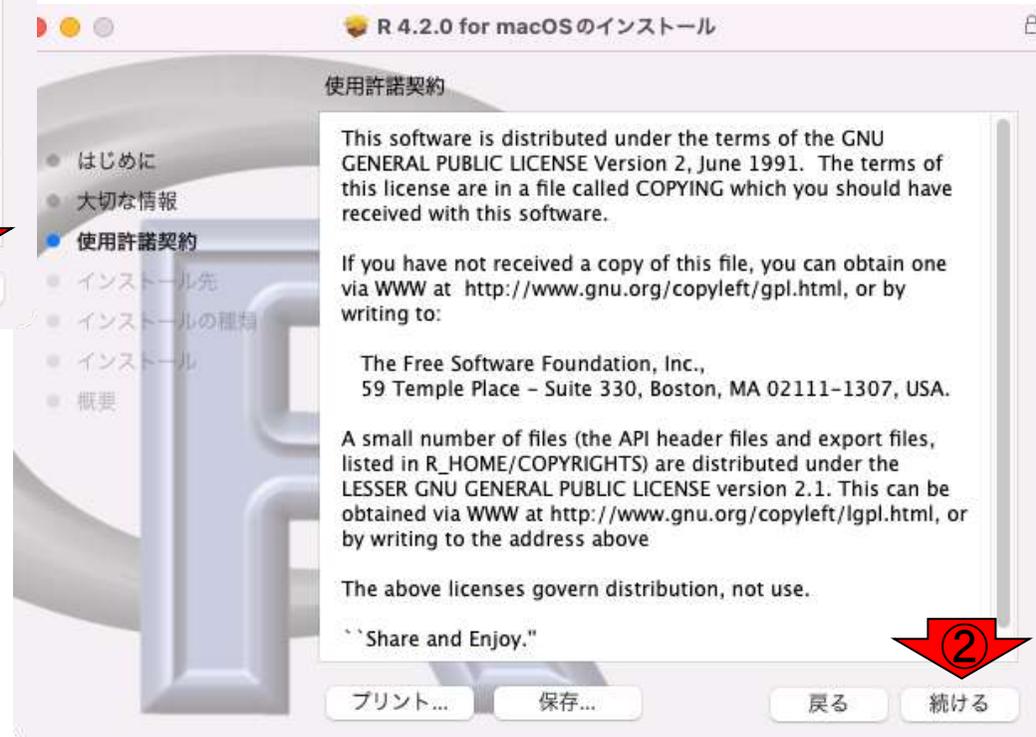
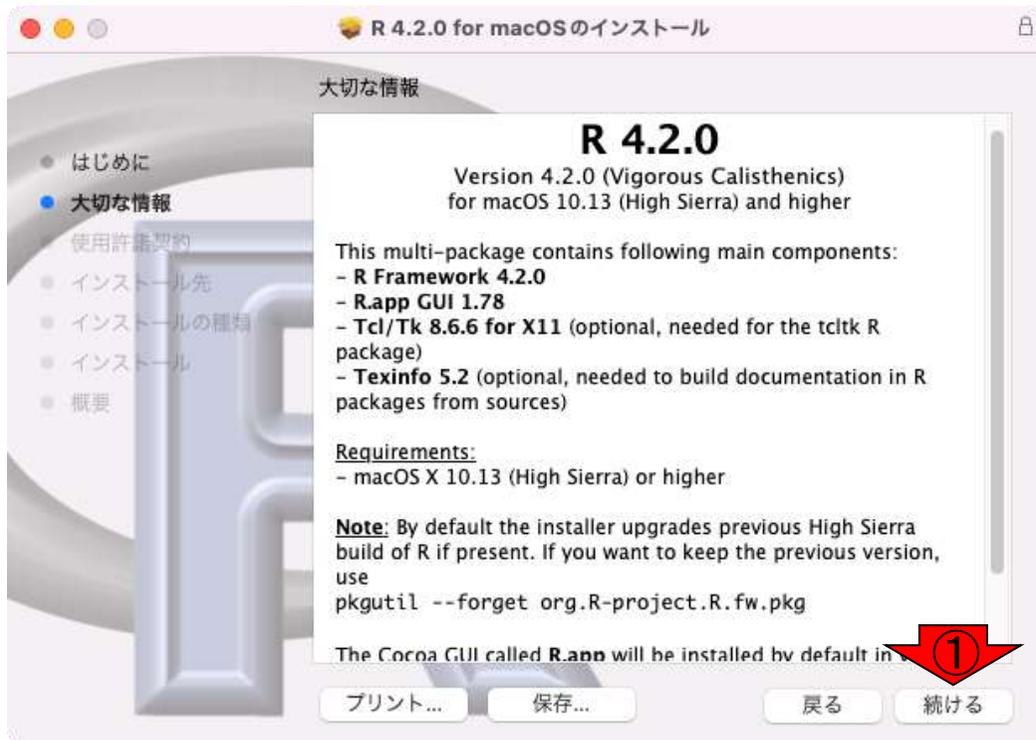
R本体のインストール

ダウンロードが完了すると、①ダウンロードフォルダにR-4.X.Y.pkgファイルがあります。②Dockからでも良いので、このファイルを起動します。インストーラーが起動するので、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

①、②続けるを選択します。



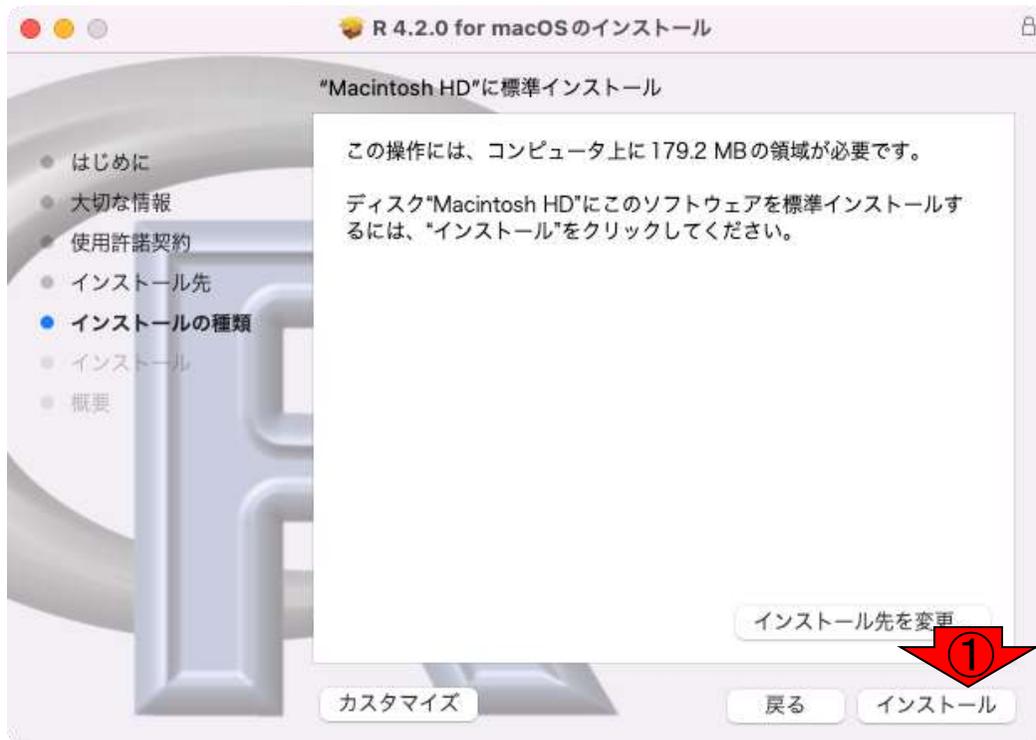
①同意する、②続けるを選択します。

R本体のインストール



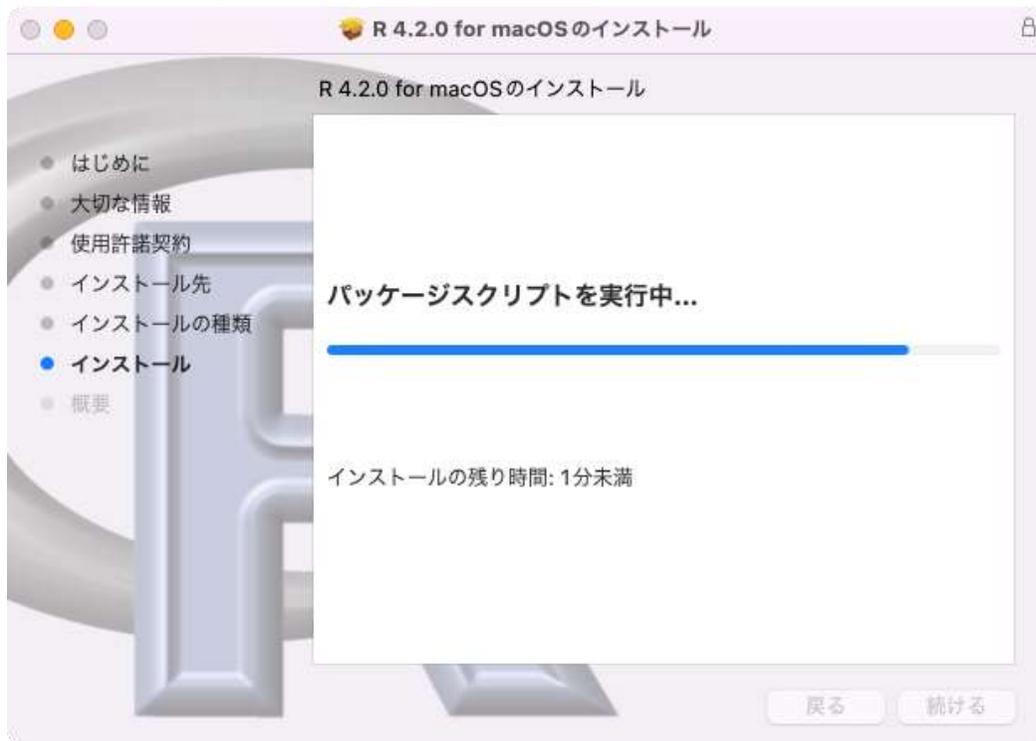
R本体のインストール

通常はインストール先を変更する必要は無いと思いますので、このまま①インストールを選択します。②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

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

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
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- インストール確認
- エラーへの対処

①ファイルの拡張子を明示させる作業です。

Macintosh環境設定

インストール | R本体とRStudio | 最新版 | Mac用 **NEW**

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。Win同様、エンドユーザには実質的に無縁のものだと思いますがMacにも開発版（[devel版](#)）というのがあります。2021年04月01日現在の最新版は、[R-4.0.5.pkg](#)ですね。

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 1.2.5001 - macOS 10.12+ (64-bit)」と酷似したファイル名のものをクリック。

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

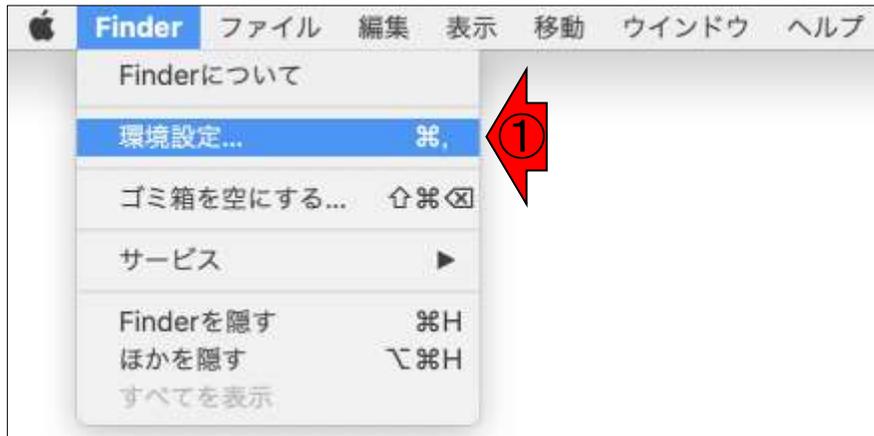
昔のバージョンをインストールしたい局面もごく稀にあると思います。その場合は、[ここ](#)をクリックして、任意のバージョンのものをインストールしてください。例えば、2014年10月リリースのver. 3.1.2をインストールしたい場合は、ページ下部の「[R-3.1.2-marvericks.pkg](#)」をクリックすれば、後は最新版と同じです。

インストール | Rパッケージ | について

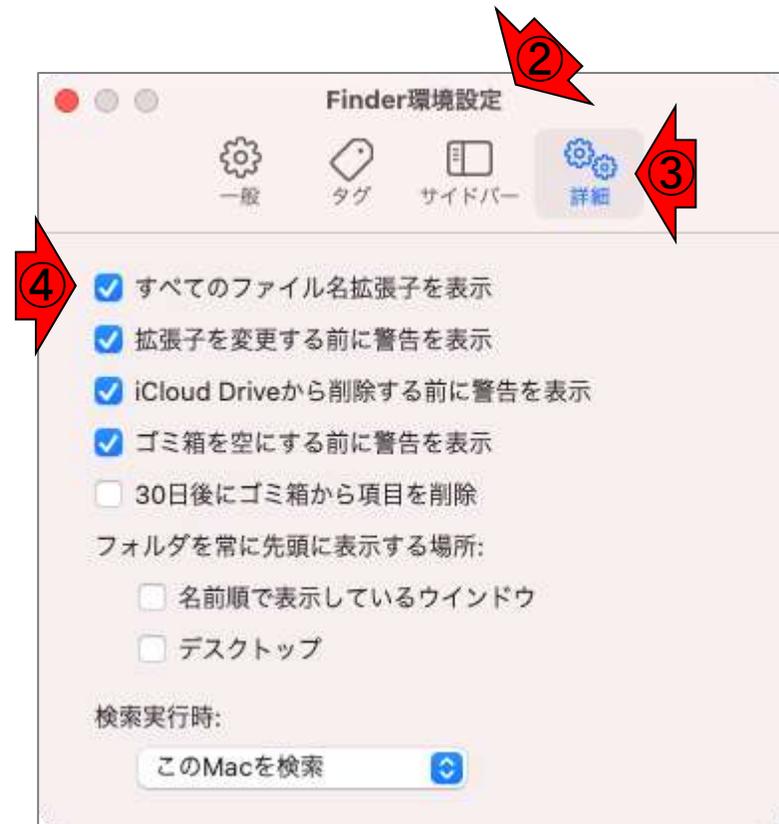
アグリバイオで所有するノートPCは、「インストール | Rパッケージ | [必要最小限プラスアルファ](#)」を利用してパッケージ群を一度にインストールしています。「インストール | Rパッケージ | [個別\(2018年11月以降\)](#)」のところは、インストールされていない(or されなかった)パッケージを個別にインストールする際に利用してください。

[トップページへ](#)

Macintosh環境設定



Macintoshの場合は、こんな感じに見えるので、Finderのプルダウンメニューで①環境設定を選び、②Finder環境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
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- インストール確認
- エラーへの対処

Macintosh環境設定

```
student@teradatomokonoMacBook-Pro ~ % defaults write com.apple.finder AppleShowAllFiles TRUE
```



```
defaults write com.apple.finder AppleShowAllFiles TRUE
```

Finderのアプリケーション
→ユーティリティからターミナル.appを起動します。
ターミナルが起動したら、
①defaults 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。

Macintosh環境設定

Finderのアプリケーション→ユーティリティからターミナル.appを起動します。ターミナルが起動したら、①defaults 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@teradatamokonoMacBook-Pro ~ % defaults write com.apple.finder Apple  
defaults write com.apple.finder AppleShowAllFiles TRUE
```

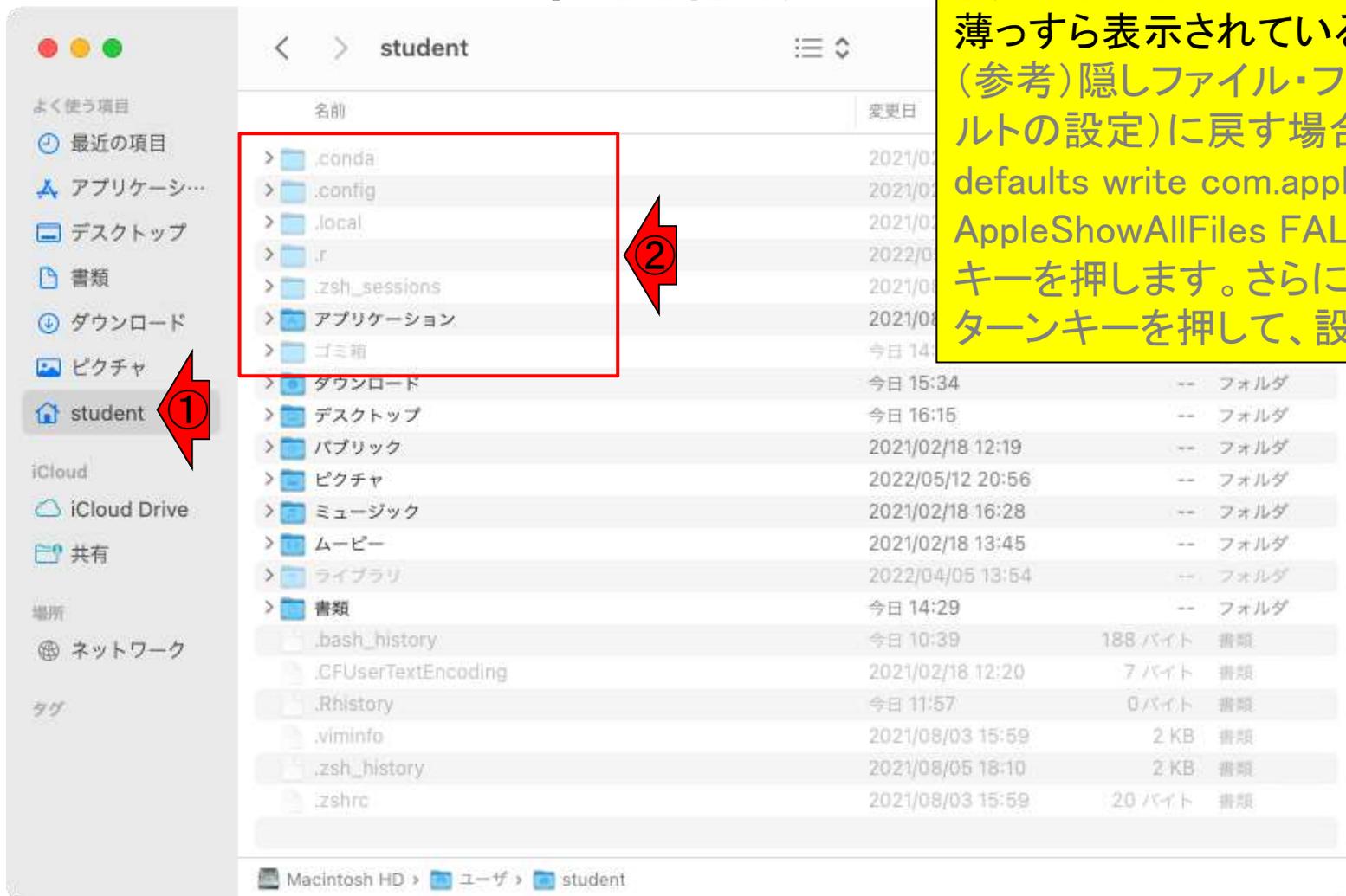


```
student@teradatamokonoMacBook-Pro ~ % defaults write com.apple.finder AppleShowAllFiles TRUE  
student@teradatamokonoMacBook-Pro ~ % killall Finder
```



Macintosh環境設定

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
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- インストール確認
- エラーへの対処

RStudioは、RのGUI強化版のような位置づけです。

① [RStudioのダウンロードサイト](#)をクリック。

RStudioインストール



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03月28日現在の最新版は、[R-4.1.3.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。

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、[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、ページ下部の「[R-3.1.2-mac](#)」[トップページへ](#)をクリックすれば、後は最新版と同じです。

RStudioインストール

① 予めR 3.3.0以上をインストールせよとのことですが、これは済んでいるので、② Mac版のインストーラをダウンロード。③ Dockまたは④ダウンロードフォルダから、⑤RStudioのdmgファイルをダブルクリックし、展開します。

RStudio Desktop 2022.02.2+485

[- Release Notes](#)

- ① 1. Install R. RStudio requires R 3.3.0+ .
2. Download RStudio Desktop.

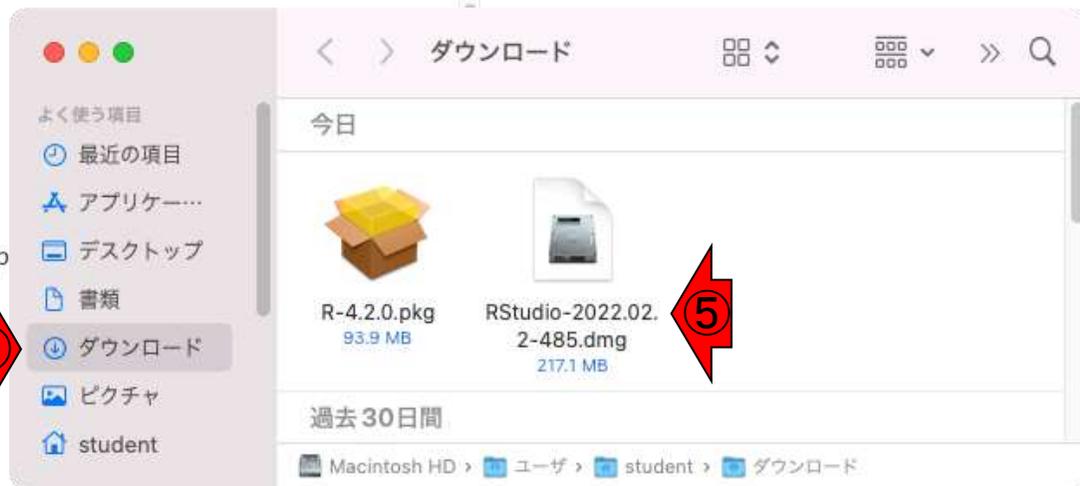
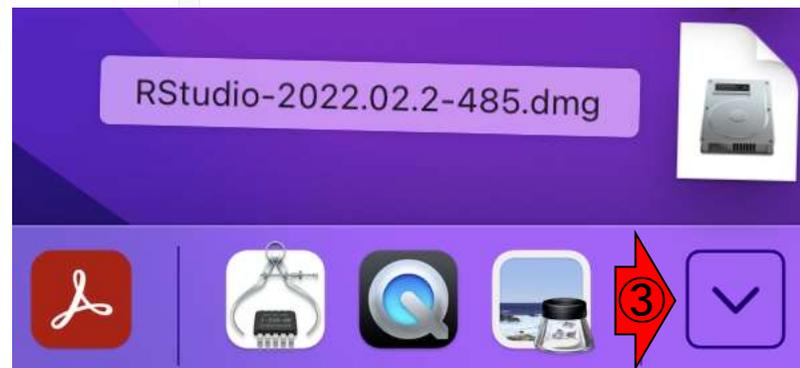


Requires macOS 10.15+ (64-bit)

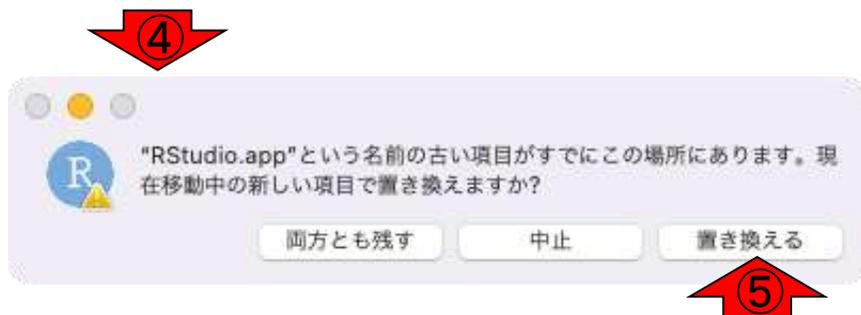
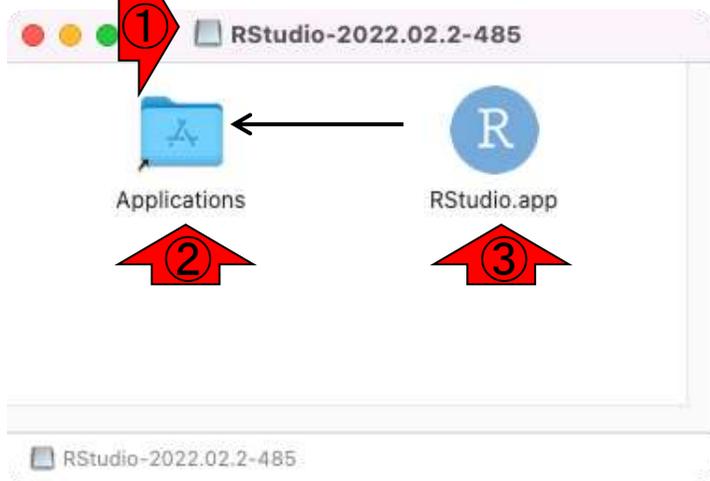
All Installers

Linux users may need to [import RStudio's public code-signing key](#) depending on the operating system's security policy.

RStudio requires a 64-bit operating system. If you are on a 32 bit system, please use an older version of RStudio.



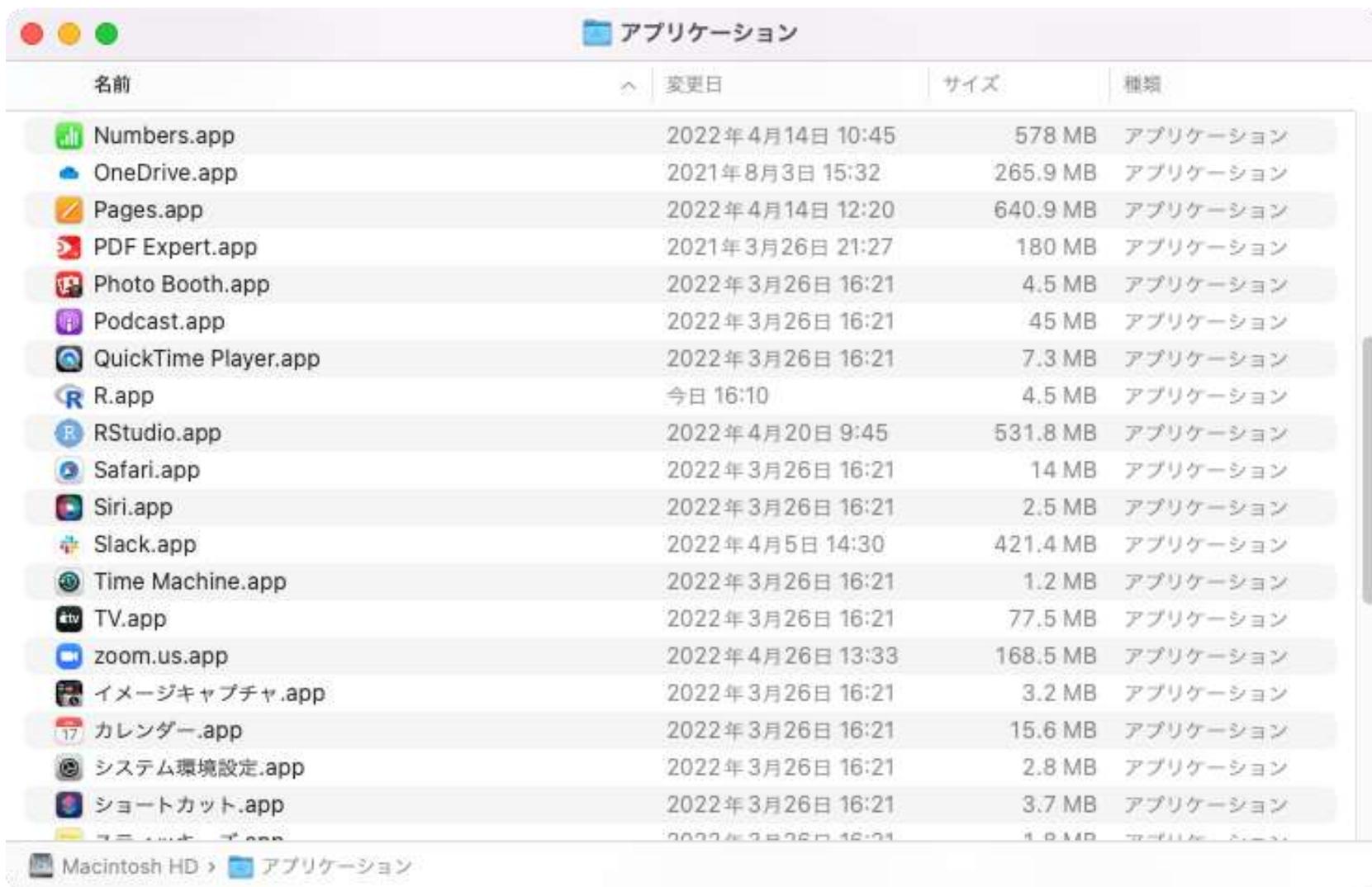
RStudioインストール



dmgファイルが展開されると、デスクトップに①RStudio-2022.02.2-485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フォルダは削除して構いません。

RStudioインストール

アプリケーションフォルダのRStudioの変更日が新しくなったことを確認します。

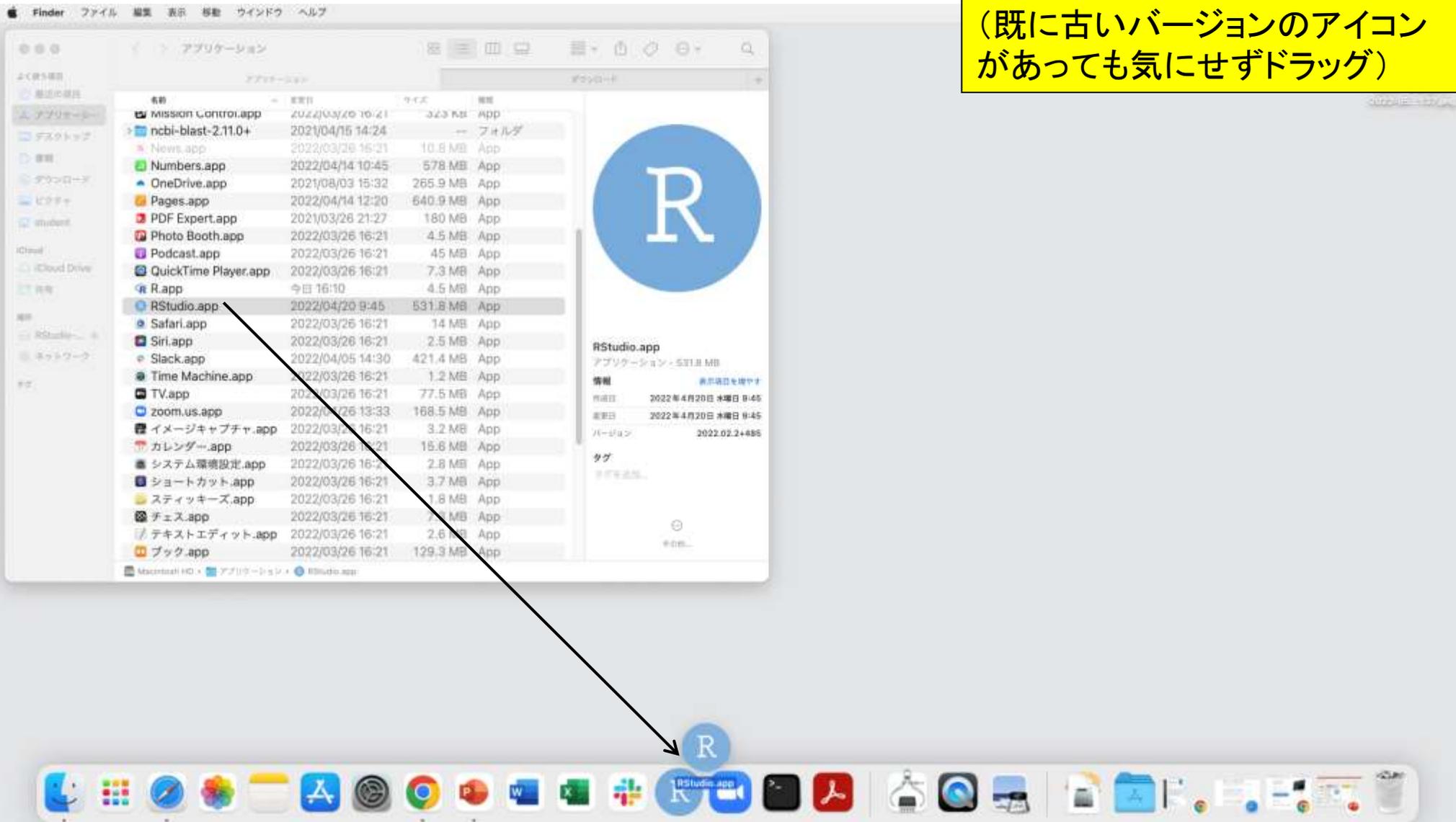


The screenshot shows a window titled 'アプリケーション' (Applications) on a Mac. It displays a list of installed applications with columns for name, modification date, size, and type. The RStudio application is highlighted, showing it was updated today at 16:10.

名前	変更日	サイズ	種類
Numbers.app	2022年4月14日 10:45	578 MB	アプリケーション
OneDrive.app	2021年8月3日 15:32	265.9 MB	アプリケーション
Pages.app	2022年4月14日 12:20	640.9 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	2022年3月26日 16:21	4.5 MB	アプリケーション
Podcast.app	2022年3月26日 16:21	45 MB	アプリケーション
QuickTime Player.app	2022年3月26日 16:21	7.3 MB	アプリケーション
R.app	今日 16:10	4.5 MB	アプリケーション
RStudio.app	2022年4月20日 9:45	531.8 MB	アプリケーション
Safari.app	2022年3月26日 16:21	14 MB	アプリケーション
Siri.app	2022年3月26日 16:21	2.5 MB	アプリケーション
Slack.app	2022年4月5日 14:30	421.4 MB	アプリケーション
Time Machine.app	2022年3月26日 16:21	1.2 MB	アプリケーション
TV.app	2022年3月26日 16:21	77.5 MB	アプリケーション
zoom.us.app	2022年4月26日 13:33	168.5 MB	アプリケーション
イメージキャプチャ.app	2022年3月26日 16:21	3.2 MB	アプリケーション
カレンダー.app	2022年3月26日 16:21	15.6 MB	アプリケーション
システム環境設定.app	2022年3月26日 16:21	2.8 MB	アプリケーション
ショートカット.app	2022年3月26日 16:21	3.7 MB	アプリケーション
...

RStudioインストール

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)

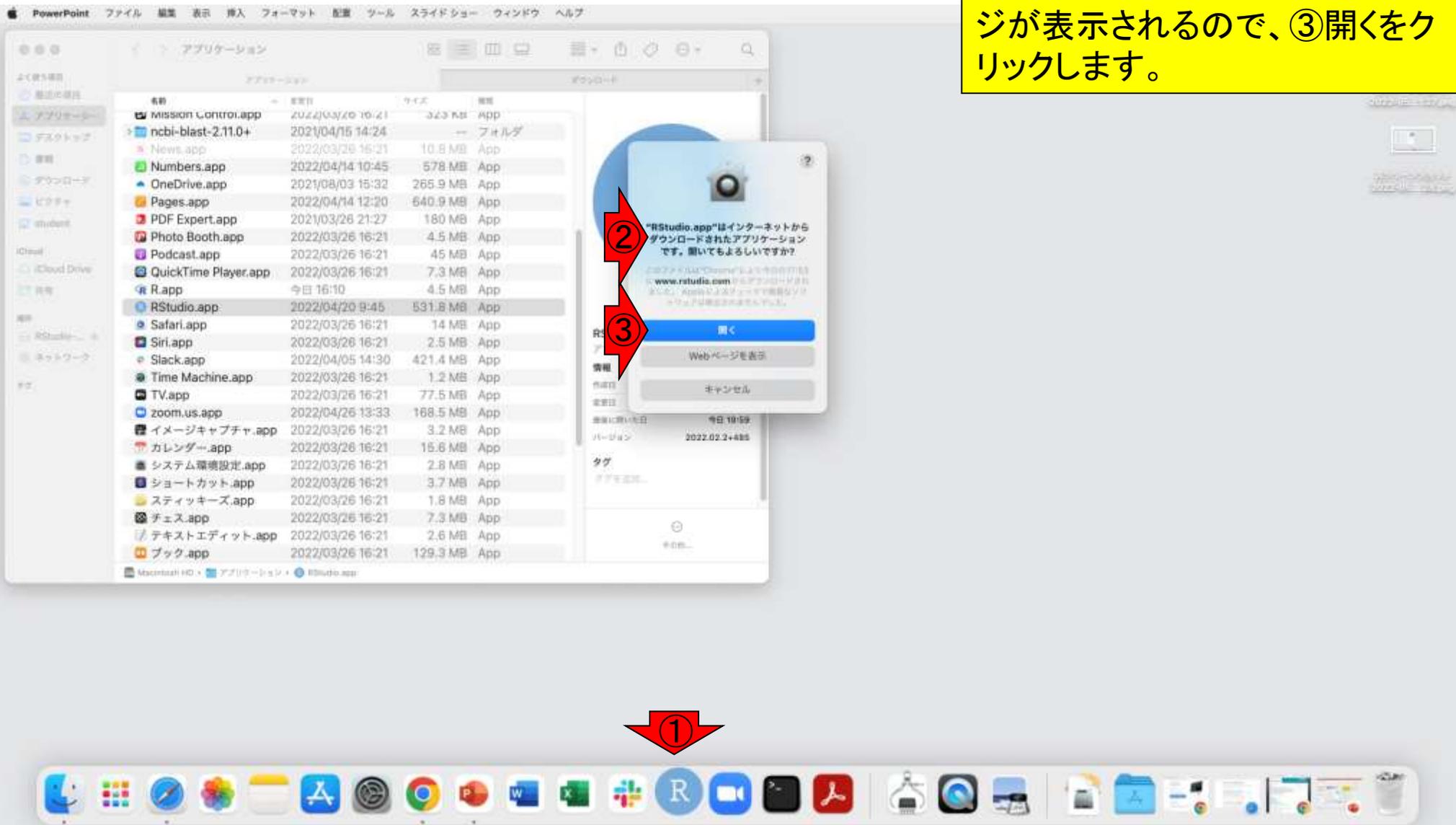


Contents

- 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
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- インストール確認
- エラーへの対処

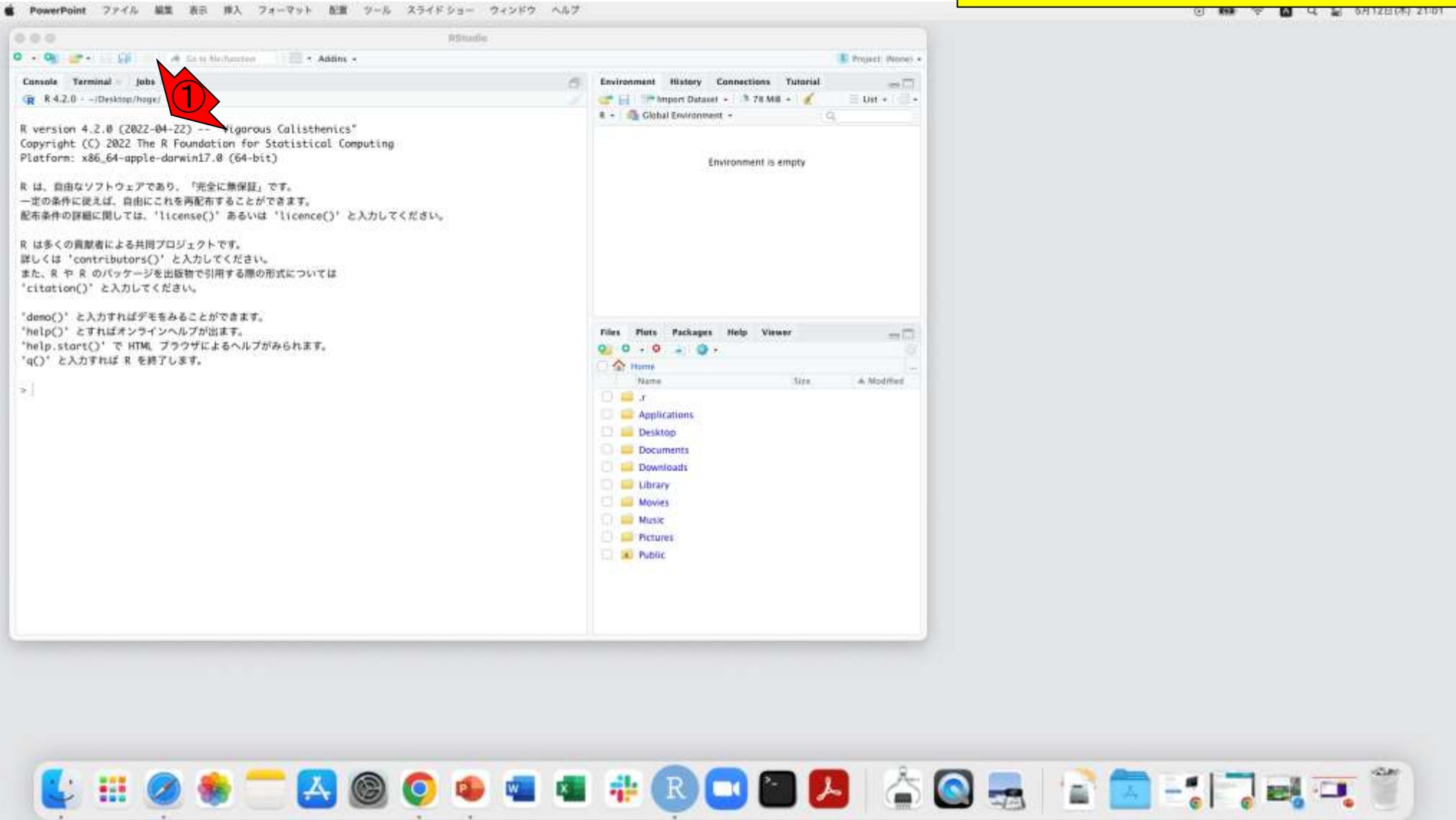
RStudioの起動

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。



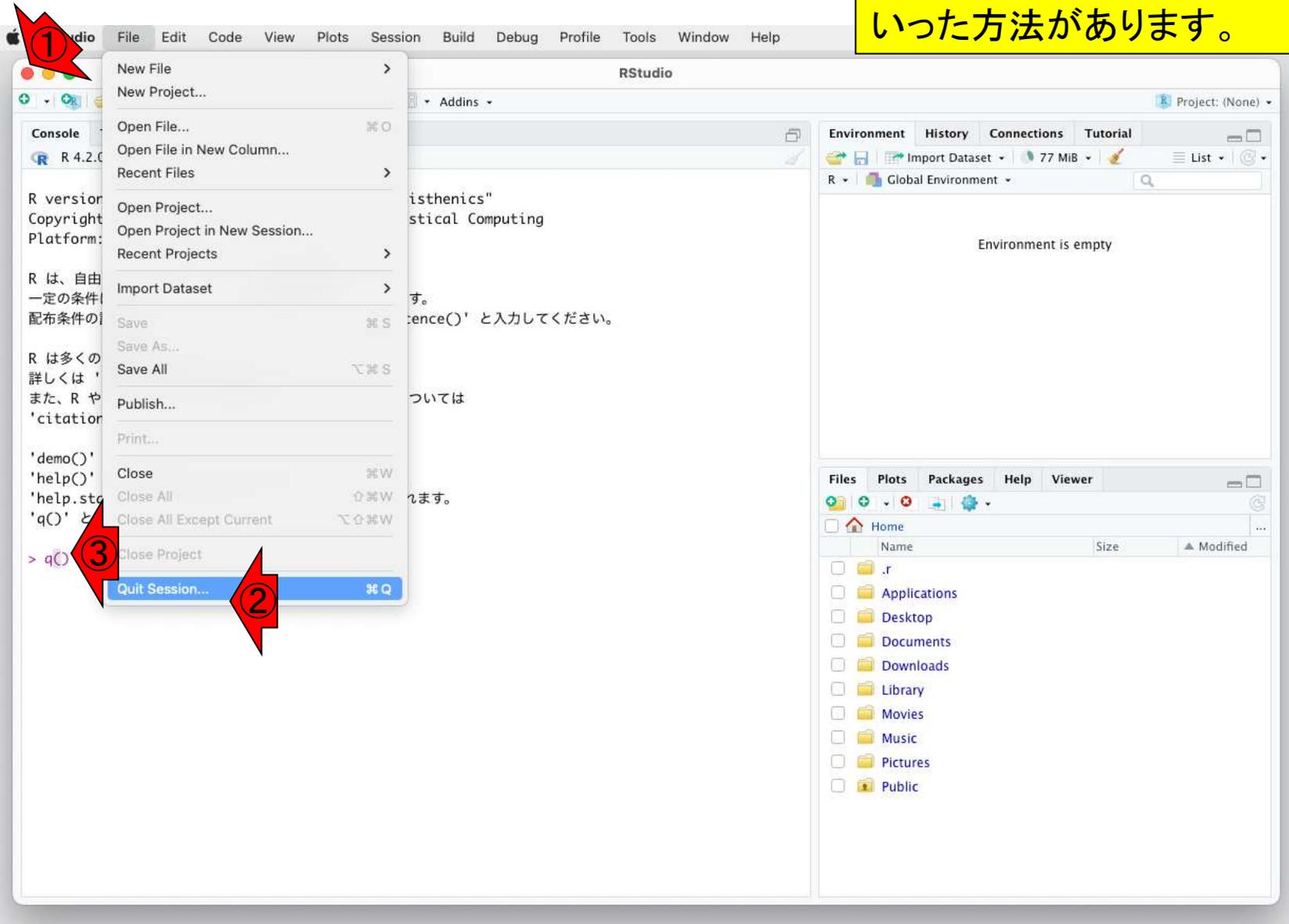
RStudioの起動

RStudioが起動しました。①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。



RStudioの終了

RStudioを終了するには①×をクリックする、②RStudioメニューからQuit RStudio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。



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
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- インストール確認
- エラーへの対処

画面の説明

再度起動した状態。①Consoleというタブがアクティブになっていることがわかります。②この赤枠部分を「Console画面」といいます。

The screenshot shows the RStudio interface. The top-left pane is the Console, which is active and contains R version information and usage instructions. The top-right pane is the Environment pane, which is currently empty. The bottom-right pane is the Files pane, showing the file explorer for the current project. A red box highlights the Console and Environment panes, and a red arrow points to the Environment pane. Another red arrow points to the Console tab in the top-left pane.

Console Terminal x Jobs x

R 4.2.0 · ~/

R version 4.2.0 (2022-04-22) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin17.0 (64-bit)

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

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

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

> |

Environment History Connections Tutorial

Import Dataset 78 MiB List

R Global Environment

Environment is empty

Files Plots Packages Help Viewer

Home

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	May 12, 2022
.r		
Applications		
Desktop		
Documents		
Downloads		
Library		
Movies		
Music		
Pictures		
Public		

画面の説明

- ①Filesというタブがアクティブになっていることがわかります。
- ②この赤枠内で見えているもの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 Japanese instructions. The environment pane on the right shows an empty environment. The files pane at the bottom right is highlighted with a red box and contains a file list.

R version 4.2.0 (2022-04-22) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin17.0 (64-bit)

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

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

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

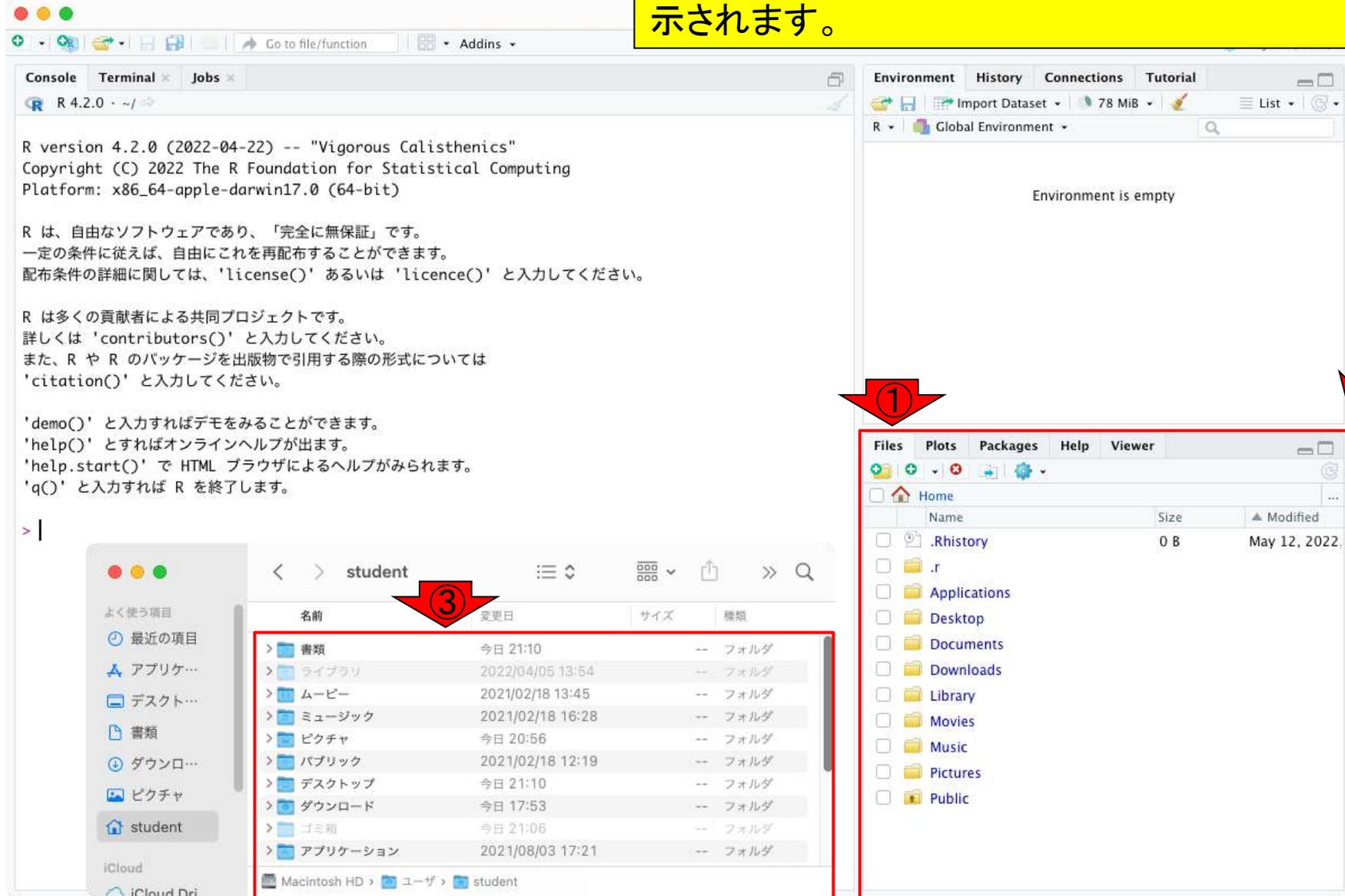
> |

Environment History Connections Tutorial
Import Dataset 78 MiB List
R Global Environment
Environment is empty

Files Plots Packages Help Viewer
Home
Name Size Modified
[] .Rhistory 0 B May 12, 2022
[] .r
[] Applications
[] Desktop
[] Documents
[] Downloads
[] Library
[] Movies
[] Music
[] Pictures
[] Public

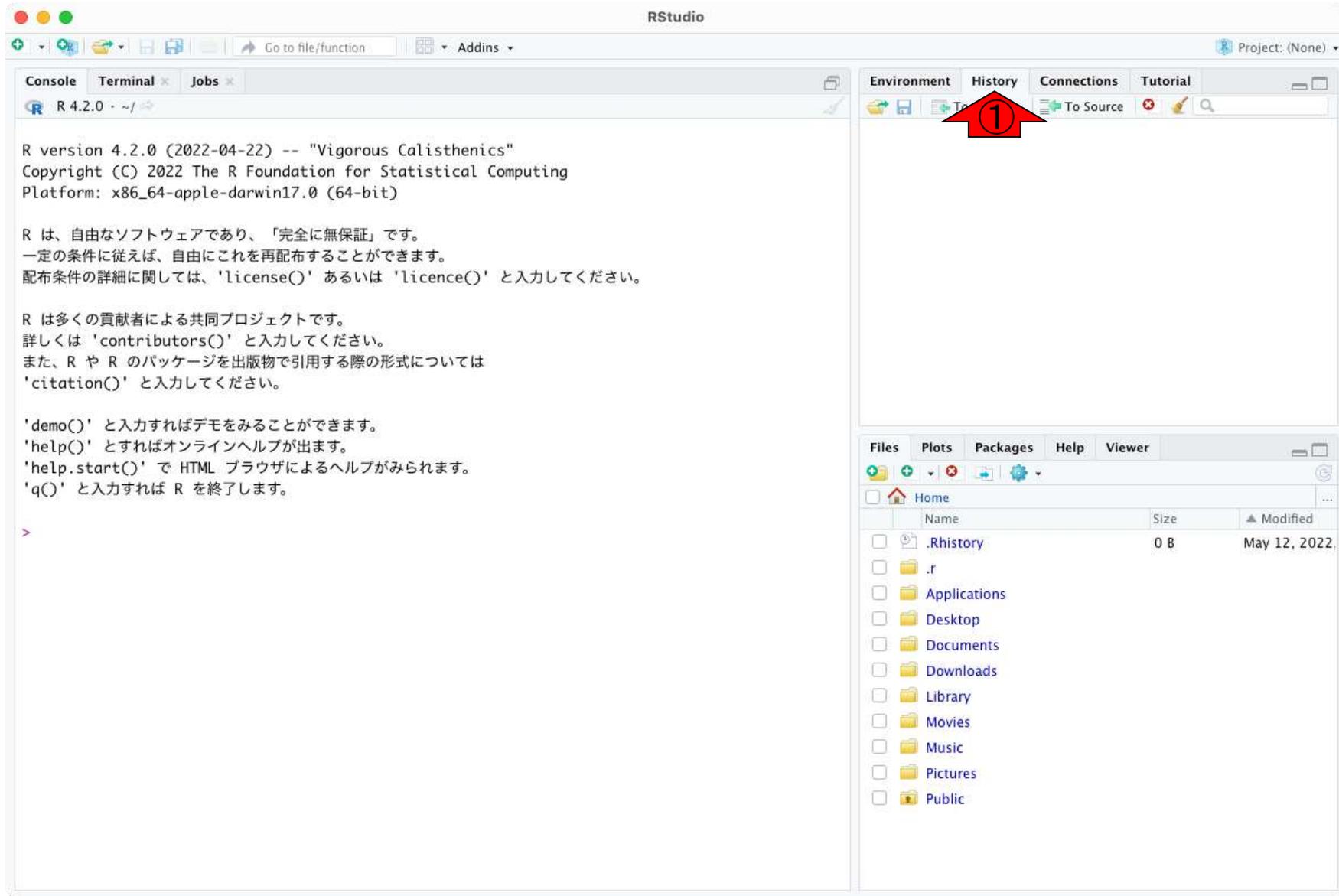
画面の説明

①Filesというタブがアクティブになっていることがわかります。
②この赤枠内で見えているものはヒトそれぞれです。正確には、おそらくデフォルトでは③ホームディレクトリの中身が表示されます。



ここはまだよくわからなくてもよいところですが…①Historyタブがアクティブになっていることがわかります。

画面の説明



画面の説明

ここはまだよくわからなくてもよいところですが…①Historyタブがアクティブになっていることがわかります。ここには②Console画面上で行った作業履歴(つまりHistory)が記録されていきます。

The screenshot displays the RStudio interface. The Console window on the left shows the R version 4.2.0 startup message and instructions. The Environment/History window on the right is active, showing a file browser view of the Home directory with a file named `.Rhistory` listed. Red arrows point to the 'History' tab in the Environment/History window (labeled 1) and the Console window (labeled 2).

Console Window Content:

```
R 4.2.0 · ~/
```

R version 4.2.0 (2022-04-22) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin17.0 (64-bit)

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

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

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

>

Environment/History Window Content:

Files | Plots | Packages | Help | Viewer

Home

	Name	Size	Modified
<input type="checkbox"/>	<code>.Rhistory</code>	0 B	May 12, 2022
<input type="checkbox"/>	<code>.r</code>		
<input type="checkbox"/>	Applications		
<input type="checkbox"/>	Desktop		
<input type="checkbox"/>	Documents		
<input type="checkbox"/>	Downloads		
<input type="checkbox"/>	Library		
<input type="checkbox"/>	Movies		
<input type="checkbox"/>	Music		
<input type="checkbox"/>	Pictures		
<input type="checkbox"/>	Public		

画面の説明

ここはまだよくわからなくてもよいところですが…①Historyタブがアクティブになっていることがわかります。ここには②Console画面上で行った作業履歴(つまりHistory)が記録されていきます。例えば③1+1を実行すると、④も反映されます。

The screenshot shows the RStudio interface. The Console panel on the left displays the R version information and instructions. The Files panel on the right shows the file explorer with the `.Rhistory` file highlighted. A red box highlights the Console area, and a red arrow points to the command `> 1+1` and its output `[1] 2`. Another red arrow points to the `1+1` command in the History panel.

```
R version 4.2.0 (2022-04-22) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin17.0 (64-bit)

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

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

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

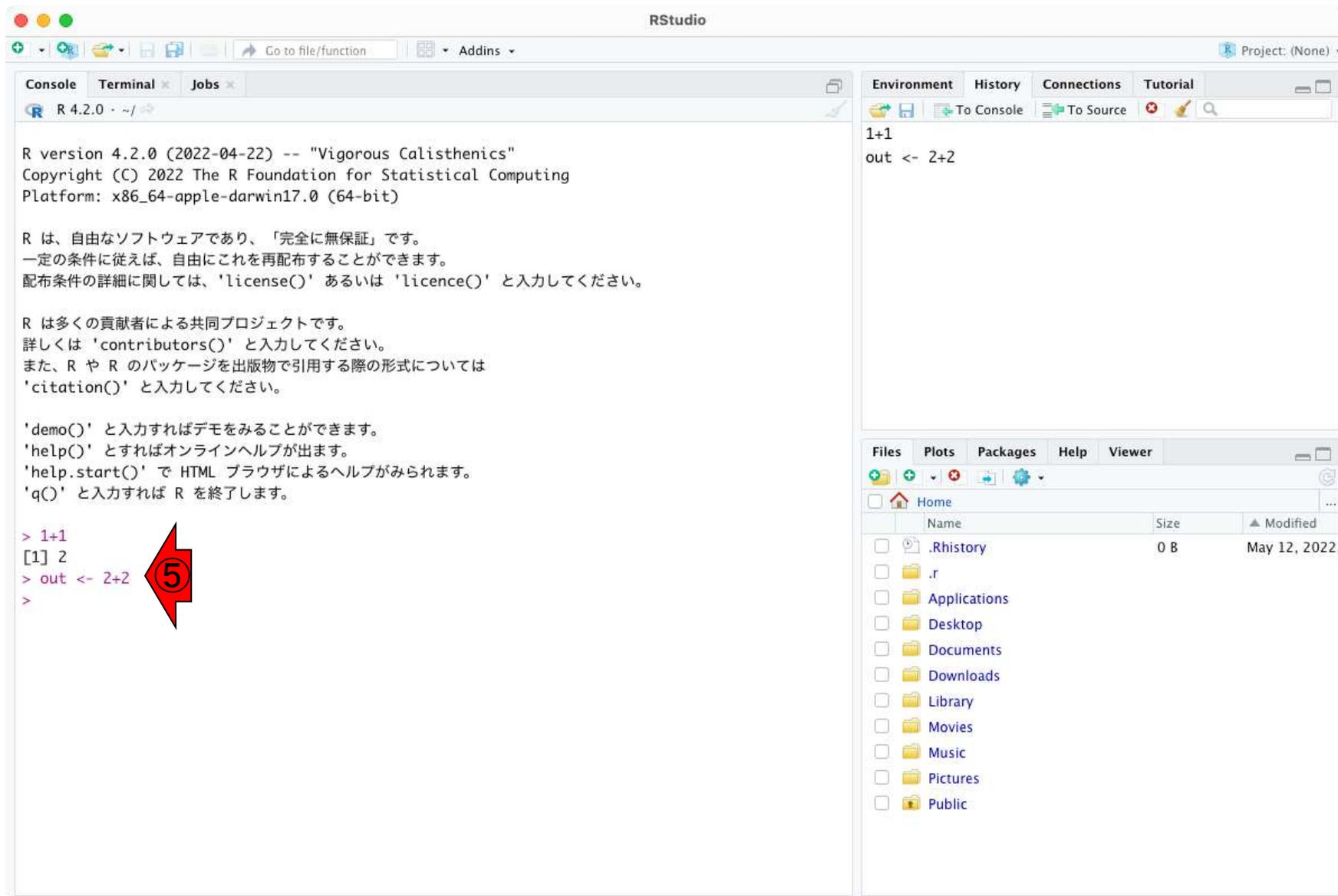
> 1+1
[1] 2
>
```

Files | Plots | Packages | Help | Viewer

Name	Size	Modified
<code>.Rhistory</code>	0 B	May 12, 2022
<code>.r</code>		
<code>Applications</code>		
<code>Desktop</code>		
<code>Documents</code>		
<code>Downloads</code>		
<code>Library</code>		
<code>Movies</code>		
<code>Music</code>		
<code>Pictures</code>		
<code>Public</code>		

⑤は「2+2の実行結果をoutというもの(オブジェクトと呼びます)に格納せよ」という指令です。

画面の説明



The screenshot shows the RStudio interface. The console pane on the left displays the R version information and a series of commands and their outputs. A red arrow with the number 5 points to the command `out <- 2+2`. The environment pane on the right shows the current environment with variables `1+1` and `out <- 2+2`. The file explorer at the bottom shows the file system structure.

```
R version 4.2.0 (2022-04-22) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin17.0 (64-bit)

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

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

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

> 1+1
[1] 2
> out <- 2+2
>
```

Environment

```
1+1
out <- 2+2
```

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	May 12, 2022
.r		
Applications		
Desktop		
Documents		
Downloads		
Library		
Movies		
Music		
Pictures		
Public		

画面の説明

⑤は「2+2の実行結果をoutというもの(オブジェクトと呼びます)に格納せよ」という指令です。⑥Environmentタブをアクティブにすると、現在利用可能なオブジェクトの名前とその中身の情報を見ることができます。

The screenshot displays the RStudio interface. The console on the left shows the R version information and a series of commands and their outputs. A red arrow labeled '5' points to the command `> out <- 2+2`. The environment panel on the right is active, showing a table with one row: 'out' with the value 4. A red arrow labeled '6' points to the 'Environment' tab in the top right.

```
R version 4.2.0 (2022-04-22) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin17.0 (64-bit)

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

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

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

> 1+1
[1] 2
> out <- 2+2
>
```

Environment	History	Connections	Tutorial
Global Environment			
Values			
out			4

Files	Plots	Packages	Help	Viewer
Home				
Name	Size	Modified		
.Rhistory	0 B	May 12, 2022		
.r				
Applications				
Desktop				
Documents				
Downloads				
Library				
Movies				
Music				
Pictures				
Public				

画面の説明

⑤は「2+2の実行結果をoutというもの(オブジェクトと呼びます)に格納せよ」という指令です。⑥Environmentタブをアクティブにすると、現在利用可能なオブジェクトの名前とその中身の情報を見ることができます。もちろん、⑦のように利用可能なオブジェクト名を直接コンソールに入力してもOK。

The screenshot displays the RStudio environment. The console on the left shows the R version (4.2.0) and the execution of the command `out <- 2+2`, resulting in the value 4. The Environment pane on the right shows a table with one row: 'out' with the value 4. The Files pane at the bottom shows the file explorer with various system folders.

```
R version 4.2.0 (2022-04-22) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin17.0 (64-bit)

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

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

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

> 1+1
[1] 2
> out <- 2+2
> out
[1] 4
>
```

Values	
out	4

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	May 12, 2022
.r		
Applications		
Desktop		
Documents		
Downloads		
Library		
Movies		
Music		
Pictures		
Public		

画面の説明

①作業履歴の内容(Historyタブの内容)は、RStudioを終了すると、自動的に②.Rhistoryというファイル名で保存されます。

The screenshot shows the RStudio interface. The console window displays the R version information and the output of the command `1+1`. The Environment/History tab is active, showing the expression `1+1`. The Files pane at the bottom right shows the file `.Rhistory` in the home directory, which is highlighted with a red arrow labeled '2'. Another red arrow labeled '1' points to the History tab in the top right pane.

R 4.2.0 · ~/

Console Terminal Jobs

R version 4.2.0 (2022-04-22) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin17.0 (64-bit)

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

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

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

```
> 1+1  
[1] 2  
>
```

Environment History Connections Tutorial

To Console To Source

1+1

1

Files Plots Packages Help Viewer

Home

	Name	Size	Modified
<input type="checkbox"/>	.Rhistory	0 B	May 12, 2022
<input type="checkbox"/>	.r		
<input type="checkbox"/>	Applications		
<input type="checkbox"/>	Desktop		
<input type="checkbox"/>	Documents		
<input type="checkbox"/>	Downloads		
<input type="checkbox"/>	Library		
<input type="checkbox"/>	Movies		
<input type="checkbox"/>	Music		
<input type="checkbox"/>	Pictures		
<input type="checkbox"/>	Public		

2

画面の説明

①作業履歴の内容(Historyタブの内容)つまり赤枠部分を真っ新にしたい場合は、②箒マークをクリックし、履歴を消去します。この状態でRStudioを終了後、改めて起動してみると、③.Rhistoryファイルはありますが、その中身は空っぽです。

R version 4.2.0 (2022-04-22) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin17.0 (64-bit)

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

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

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

> 1+
[1] 2

名前	変更日	サイズ	種類
> アプリケーション	2021/08/03 17:21	--	フォルダ
> .zshrc	2021/08/03 15:59	20 バイト	書類
> .zsh_sessions	2021/08/05 18:10	--	フォルダ
> .zsh_history	2021/08/05 18:10	2 KB	書類
> .viminfo	2021/08/03 15:59	2 KB	書類
> .Rhistory	今日 21:09	0 バイト	書類
> .r	今日 20:01	--	フォルダ
> .local	2021/02/18 16:22	--	フォルダ
> .config	2021/02/18 16:22	--	フォルダ
> .conda	2021/02/18 17:33	--	フォルダ

Name	Size	Modified
Home		
.Rhistory	0 B	May 12, 2022
.r		
Applications		
Desktop		
Documents		
Downloads		
Library		
Movies		
Music		
Pictures		
Public		

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
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- インストール確認
- エラーへの対処

パッケージ群のインストール

ここまでで、①R本体とRStudioのインストールが終わっています。次は、②このサイトやアグリバイオの講義で使用するパッケージ群のインストールを行います。実際には利用しないものも含まれてはいますがご容赦ください。

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2022/05/11, since 2010)

このウェブページの多くは、[インストール | についての推奨手順](#) ([Windows2022.03.31版](#)と[Macintosh2021.04.01版](#))に従ってフリーソフトRと必要なパッケージをインストール済みであるという前提で記述しています。初心者の方は[基本的な利用法](#)(Windows2022.04.03版の[PPTX](#)と[PDF](#) ; Macintosh2020.03.13版の[PPTX](#)と[PDF](#))で自習してください。

[@Agribio_utokyo](#)さんをフォロー

[アグリバイオ](#)、[\(Rで\)塩基配列解析のサブページ](#)、[生命情報解析研究室](#)

What's new? (過去のお知らせはこちら)

- 「インストール | Rパッケージ | [必要最小限プラスアルファ](#)」情報を更新しました。BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38パッケージをコメントアウトしていたのですが、機能ゲノム学の講義で使っていることが判明したので、コメントアウトを外しました。(2022/05/11) **NEW**
- 「解析 | 一般 | [パターンマッチング](#)」の例題5の入力ファイル名が間違っていたのを訂正しました(data_seqlogo1.txt -> data_seqlogo1.fasta)。(中村 弘太 氏提供情報)(2022/05/09) **NEW**
- [東京大学・大学院農学生命科学研究科・応用生命工学専攻の令和5\(2023\)年度大学院学生募集公開ガイダンス](#)の第2回目は、5月28日(土)に開催します。(2022/05/08) **NEW**
- R ver. 4.0.5で[TCC](#)パッケージのインストールがコケる現象を確認しております。この理由は、TCC内部的に利用している[DESeq2](#)がさらに内部的に利用している[locfit](#)がR ver. 4.1.0以上でないといけないことに起因するようです。2022年5月1日現在の最新版はR ver. 4.2.0ですのでそれをインストールしなおすとうまくいくと期待されますので試してみてください。(2022/05/01) **NEW**
- 「解析 | 発現変動 | 2群間 | 対応なし | 複製なし | [TCC\(Sun 2013\)](#)」が内部的にedgeRパッケージを用いた場合でもうまく動かなくなっていますのでご注意ください。他の「複製なし」用のスクリプトも軒並みうまく動かなくなっています。(辛川 涼眸 氏提供情報)(2022/04/29) **NEW**
- 「イントロ | 一般 | 配列取得 | トランスクリプトーム配列 | [biomaRt\(Durink 2009\)](#)」中のgetBM関数実行結果がベクトルから行列形式になっていたのを修正しました。しかしそれでもなお、getBM関数の実行結果であるhogeオブジェクトの行数よりも、getSequence関数で得られる配列数のほうが圧倒的に多いためタイムアウトしてしまう問題は残ったままですのでご注意ください。(中村 弘太 氏提供情報)(2022/04/26) **NEW**

- [はじめに](#) (last modified 2022/03/28)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2022/04/26) **NEW**
- [インストール | について](#) (last modified 2022/03/31)
- インストール | R本体とRStudio | 最新版 | [Win用](#) (last modified 2022/05/01) **推奨 NEW**
- インストール | R本体とRStudio | 最新版 | [Mac用](#) (last modified 2022/03/28) **推奨**
- インストール | R本体 | 過去版 | [Win用](#) (last modified 2015/03/22)
- インストール | R本体 | 過去版 | [Mac用](#) (last modified 2015/03/22)
- [インストール | Rパッケージ | について](#) (last modified 2018/11/13)
- インストール | Rパッケージ | [必要最小限プラスアルファ](#) (last modified 2022/05/11) **推奨 NEW**

[トップページへ](#)

パッケージ群のインストール

①RStudioを起動します。(既に起動していれば、そのまま構いません。)②起動完了。

インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ **NEW**

アグリバイオで所有するノートPCは、Rパッケージの2大リポジトリであるCRANとBioconductor (およびGithub) から提供されるパッケージ群をインストールしています。30分程度でインストールが完了します(自宅の光の無線LAN環境)。

1. RStudioを起動

2. パッケージ群のインストール

以下を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。どこか定。「no」の行に対するエラーは気にしなくて大丈夫です

```
#前処理 (BiocManagerがなければインストール)
if (!requireNamespace("BiocManager", quietly
  install.packages("BiocManager") #Bioc

#本番1 (CRANから提供されているパッケージ群)
BiocManager::install("ape", update=F)
no
BiocManager::install("bio3d", update=F)
no
BiocManager::install("blockmodeling", update
no
BiocManager::install("bit", update=F)
no
BiocManager::install("cclust", update=F)
no
BiocManager::install("class", update=F)
no
BiocManager::install("cluster", update=F)
no
BiocManager::install("clValid", update=F)
no
BiocManager::install("corrplot", update=F)
```

The screenshot shows the RStudio interface. The console window displays the R version 4.2.0 (2022-04-22) and the output of the BiocManager::install() commands. The file explorer shows the home directory with various folders like .Rhistory, .r, Applications, Desktop, Documents, Downloads, Library, Movies, Music, Pictures, and Public.

```
R version 4.2.0 (2022-04-22) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin17.0 (64-bit)

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

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

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

> |
```

パッケージ群のインストール

①は、②赤枠部分を
全て反転させてコピー。
具体的には…



インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ **NEW**

アグリバイオで所有するノートPCは、Rパッケージの2大リポジトリであるCRANとBioconductor（およびGithub）から提供されている以下のパッケージ群をインストールしています。30分程度でインストールが完了します(自宅の光の無線LAN環境)。

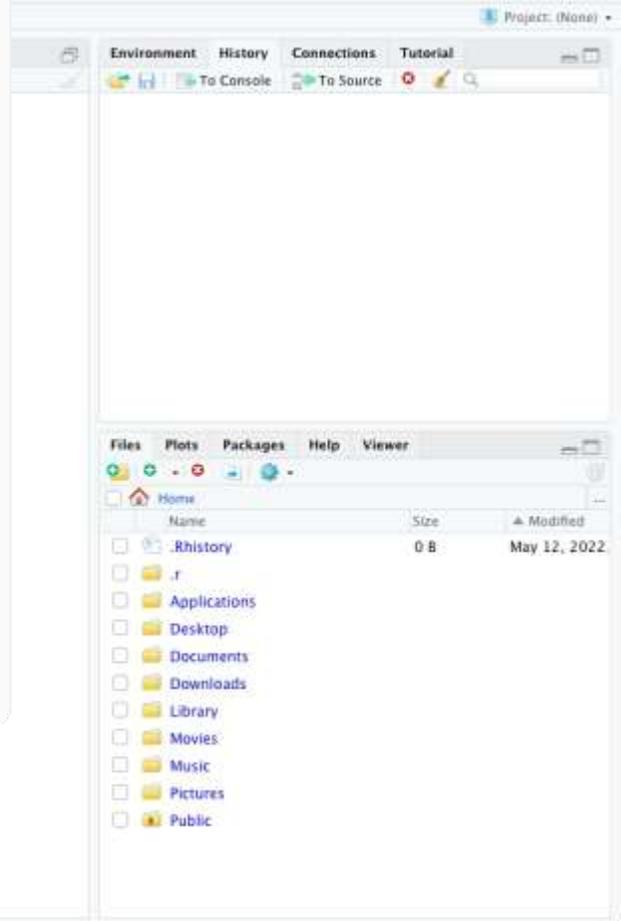
1. RStudioを起動

2. パッケージ群のインストール

以下を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。どこからダウンロードするか？と聞かれるので、その場合は自分から近いサイト。 「no」の行に対するエラーは気にしなくて大丈夫です (Mac対応です)。

```
#前処理 (BiocManagerがなければインストール)
if (!requireNamespace("BiocManager", quietly=T)) #BiocManagerパッケージがインストールされてなければ...
  install.packages("BiocManager") #BiocManagerをインストールせよ

#本番1 (CRANから提供されているパッケージ群)
BiocManager::install("ape", update=F)
no
BiocManager::install("bio3d", update=F)
no
BiocManager::install("blockmodeling", update=F)
no
BiocManager::install("bit", update=F)
no
BiocManager::install("cclust", update=F)
no
BiocManager::install("class", update=F)
no
BiocManager::install("cluster", update=F)
no
BiocManager::install("clValid", update=F)
no
BiocManager::install("corrplot", update=F)
```



パッケージ群のインストール

こんな感じで①左上からポインタでドラッグして...

インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ **NEW**

アグリバイオで所有するノートPCは、Rパッケージの2大リポジトリであるCRANとBioconductor（およびGithub）から提供されている以下のパッケージ群をインストールしています。30分程度でインストールが完了します(自宅の光の無線LAN環境)。

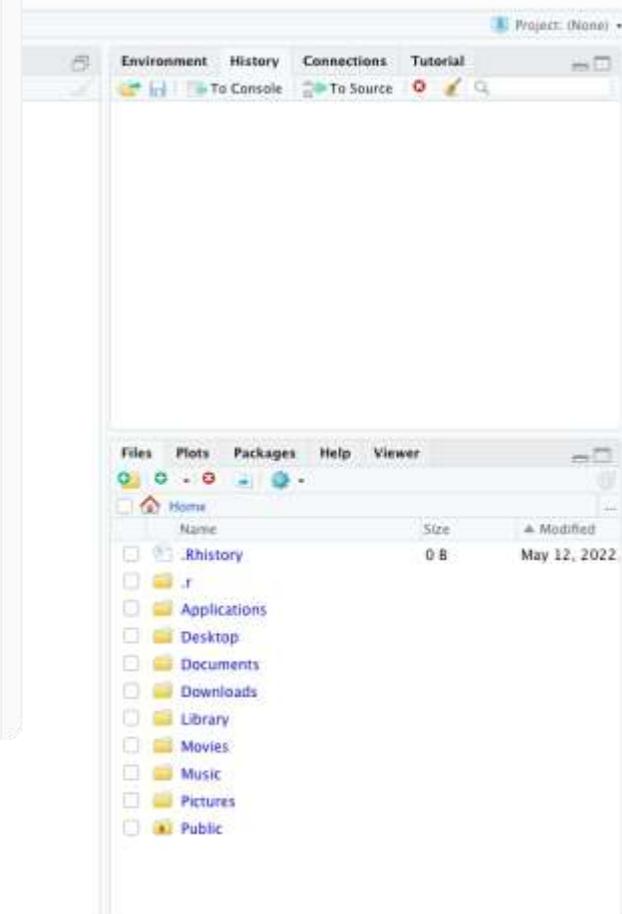
1. RStudioを起動

2. パッケージ群のインストール

①を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。どこからダウンロードするか?と聞かれるので、その場合は自分から近いサイトを指「no」の行に対するエラーは気にしなくて大丈夫です (Mac対応です)。

```
#前処理 (BiocManagerがなければインストール)
if (!requireNamespace("BiocManager", quietly=T)) #BiocManagerパッケージがインストールされてなければ...
  install.packages("BiocManager") #BiocManagerをインストールせよ

#本番1 (CRANから提供されているパッケージ群)
BiocManager::install("ape", update=F)
no
BiocManager::install("bio3d", update=F)
no
BiocManager::install("blockmodeling", update=F)
no
BiocManager::install("bit", update=F)
no
BiocManager::install("cclust", update=F)
no
BiocManager::install("class", update=F)
no
BiocManager::install("cluster", update=F)
no
BiocManager::install("clValid", update=F)
no
BiocManager::install("corrplot", update=F)
```



パッケージ群のインストール

こんな感じで①左上からポインタでドラッグしてず〜っと、②一番下まで選択して(反転させて)...



インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ **NEW**

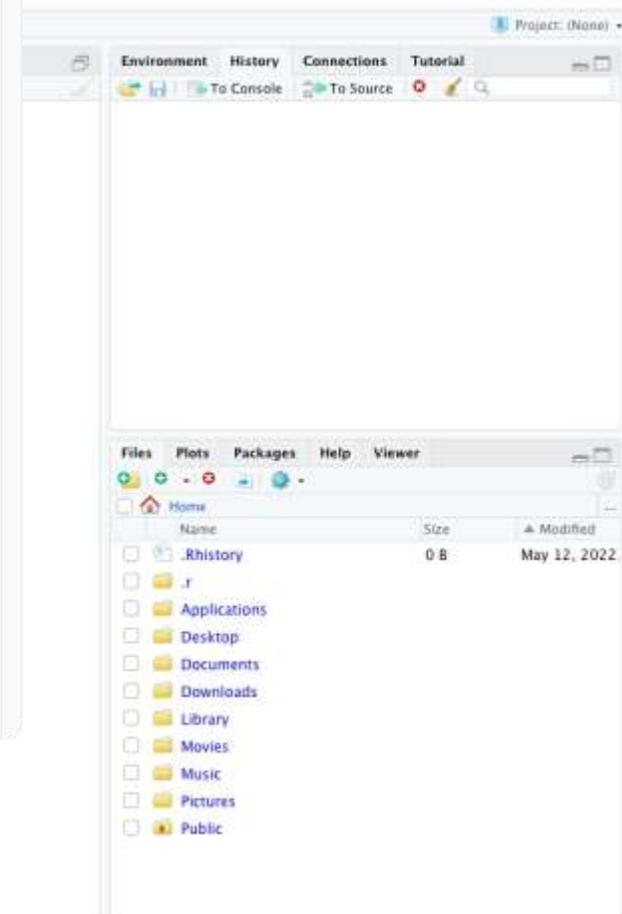
アグリバイオで所有するノートPCは、Rパッケージの2大リポジトリであるCRANとBioconductor (およびGithub) から提供されている以下のパッケージ群をインストールしています。30分程度でインストールが完了します(自宅の光の無線LAN環境)。

1. RStudioを起動

2. パッケージ群のインストール

以下を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。どこからダウンロードするか?と聞かれるので、その場合は自分から近いサイトを指定。「no」の行に対するエラーは気にしなくて大丈夫です (Mac対応です)。

```
no
BiocManager::install("TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene", update=F)
no
BiocManager::install("vsn", update=F)
no
#本番2.5(上記以外の手段でインストールするパッケージ)
#devtools::install_github("andrewsali/plotlyBars", upgrade=F)
#devtools::install_github("aroneklund/beeswarm", upgrade=F)
#no
#devtools::install_github("edwindj/ffbase", subdir="pkg", upgrade=F)
#no
#reticulate::py_install("phate", pip=TRUE)
#no
#本番3 (Bioconductorから提供されているゲノム配列パッケージ群)
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38", update=F) #ヒトゲノム (hg38)
no
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38", update=F) #ヒトゲノム (hg38) 機能ゲノム学の講義で利用するため2
no
#####
```



パッケージ群のインストール

右クリックで、①コピー。(一番下まで全てコピーしていますが、特に一番最後の#本番3のぶぶんはゲノムデータなので、サイズも大きく、時間がかかる上にディスクサイズも消費します。必要に応じてインストールすれば良いです。)



インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ **NEW**

アグリバイオで所有するノートPCは、Rパッケージの2大リポジトリであるCRANとBioconductor (およびGithub) から提供されている下のパッケージ群をインストールしています。30分程度でインストールが完了します(自宅の光の無線LAN環境)。

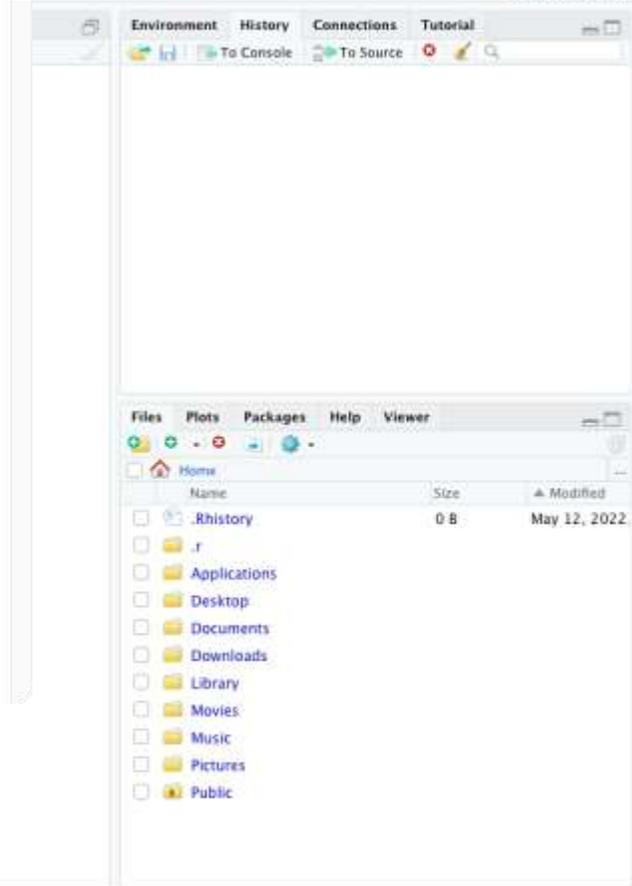
1. RStudioを起動

2. パッケージ群のインストール

以下を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。どこからダウンロードするか?と聞かれるので、その場合は自分から近いサイトを指定。「no」の行に対するエラーは気にしなくて大丈夫です (Mac対応です)。

```
no
BiocManager::install("TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene", update=F)
no
BiocManager::install("vsn", update=F)
no
#本番2.5(上記以外的手段でインストールするパッケージ)
#devtools::install("...", update=F)
#devtools::install("...", update=F)
no
#devtools
no
#reticulate::install_miniconda()
no
#本番3 (Bioconductor)
BiocManager::install("...", update=F)
no
BiocManager::install("...", update=F)
no
#####
```

「#前処理 (BiocManagerがなければインストール) if (!...)」を検索
コピー
選択箇所へのリンクをコピー
Googleで「#前処理 (BiocManagerがなければインストール) if (!...)」を検索
印刷...



パッケージ群のインストール

右クリックで、①コピー。②Rコンソール画面上で、右クリックでメニューを表示し、③ペーストします。実行されない場合はEditメニューからPasteを選択。

インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ **NEW**

アグリバイオで所有するノートPCは、Rパッケージの2大リポジトリであるCRANとBioconductor（およびGithub）から提供されている以下のパッケージ群をインストールしています。30分程度でインストールが完了します(自宅の光の無線LAN環境)。

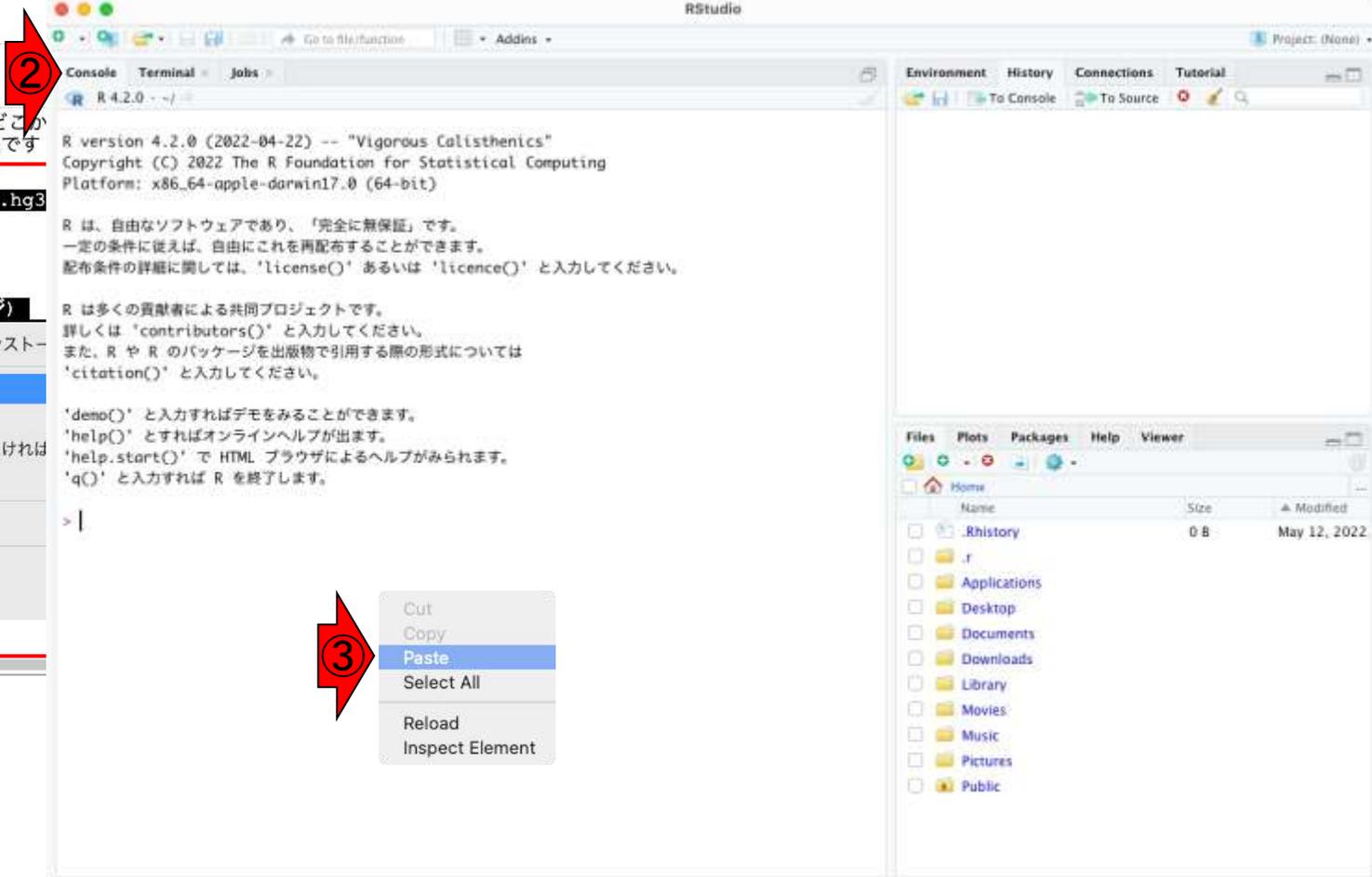
1. RStudioを起動

2. パッケージ群のインストール

以下を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。どこか定。「no」の行に対するエラーは気にしなくて大丈夫です

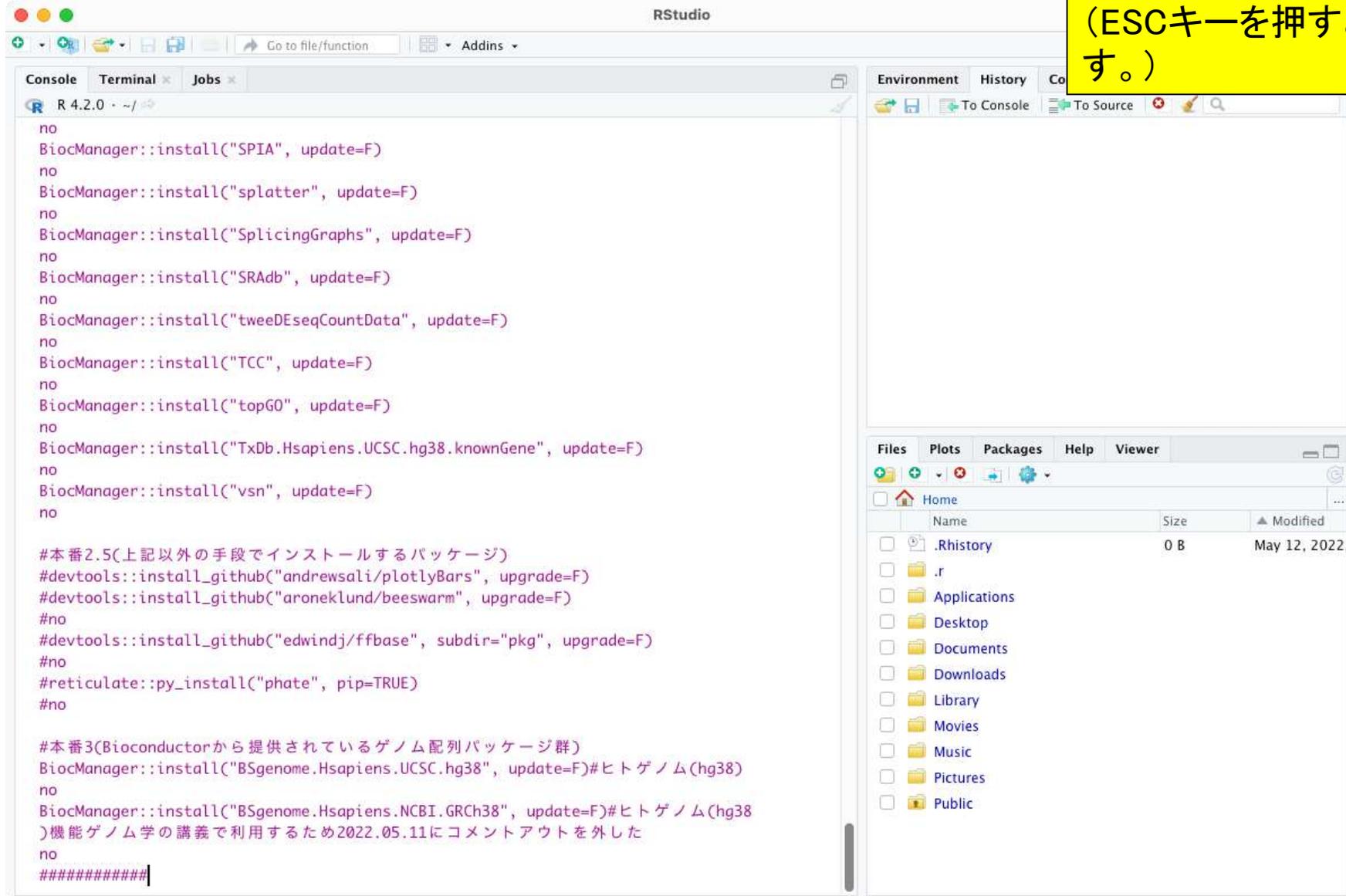
```
no
BiocManager::install("TxDb.Hsapiens.UCSC.hg3
no
BiocManager::install("vsn", update=F)
no
#本番2.5(上記以外の手段でインストールするパッケージ)
#devtools::in
#devtools::r
#no
#devtools
#no
#reticulate::
#no
#本番3(Biocon
BiocManager::
no
BiocManager::
no
#####
```

「#前処理 (BiocManagerがなければインスト
コピー
選択箇所へのリンクをコピー
Googleで「#前処理 (BiocManagerがなければ
印刷...
検証
スピーチ
サービス



パッケージ群のインストール

Rコンソール画面にペースト直後の状態。リターンキーを押すとインストールが開始されます。(ESCキーを押すと中止できません。)



```
R 4.2.0 ~/  
no  
BiocManager::install("SPIA", update=F)  
no  
BiocManager::install("splatter", update=F)  
no  
BiocManager::install("SplicingGraphs", update=F)  
no  
BiocManager::install("SRADB", update=F)  
no  
BiocManager::install("tweeDEseqCountData", update=F)  
no  
BiocManager::install("TCC", update=F)  
no  
BiocManager::install("topGO", update=F)  
no  
BiocManager::install("TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene", update=F)  
no  
BiocManager::install("vsn", update=F)  
no  
  
#本番2.5(上記以外の手段でインストールするパッケージ)  
#devtools::install_github("andrewsali/plotlyBars", upgrade=F)  
#devtools::install_github("aroneklund/beeswarm", upgrade=F)  
#no  
#devtools::install_github("edwindj/ffbase", subdir="pkg", upgrade=F)  
#no  
#reticulate::py_install("phate", pip=TRUE)  
#no  
  
#本番3(Bioconductorから提供されているゲノム配列パッケージ群)  
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38", update=F)#ヒトゲノム(hg38)  
no  
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38", update=F)#ヒトゲノム(hg38)  
)機能ゲノム学の講義で利用するため2022.05.11にコメントアウトを外した  
no  
#####|
```

パッケージ群のインストール

終了後の状態。①プロンプト(>のことです)が見えて、コマンド入力可能な状態になっていればOKです。

R 4.2.0 · ~/

```
for details

replacement repositories:
  CRAN: https://cran.rstudio.com/

Bioconductor version 3.15 (BiocManager 1.30.17), R 4.2.0 (2022-04-22)
Installing package(s) 'BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38'
ソースパッケージ 'BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38' をインストール中です

URL 'https://bioconductor.org/packages/3.15/data/annotation/src/contrib/BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38_1.3.1000.tar.gz' を試しています
Content type 'application/x-gzip' length 845207156 bytes (806.1 MB)
=====
downloaded 806.1 MB

* installing *source* package 'BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38' ...
** using staged installation
** R
** inst
** byte-compile and prepare package for lazy loading
** help
*** installing help indices
** building package indices
** testing if installed package can be loaded from temporary location
** testing if installed package can be loaded from final location
** testing if installed package keeps a record of temporary installation path
* DONE (BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38)

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
'/private/var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T/RtmptryWq0/downloaded_packages'
> no
エラー: オブジェクト 'no' がありません
> #####
>
>
```

Environment History Connections Tutorial

```
#devtools::install_github("andrewsali/plotlyBars", ...
#devtools::install_github("aroneklund/beeswarm", u...
#no
#devtools::install_github("edwindj/ffbase", subdir...
#no
#reticulate::py_install("phate", pip=TRUE)
#no
#本番3(Bioconductorから提供されているゲノム配列パッケージ...
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38" ...
no
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh3...
no
#####
```

Files Plots Packages Help Viewer

	Name	Size	Modified
<input type="checkbox"/>	.Rhistory	0 B	May 12, 2022
<input type="checkbox"/>	.r		
<input type="checkbox"/>	Applications		
<input type="checkbox"/>	Desktop		
<input type="checkbox"/>	Documents		
<input type="checkbox"/>	Downloads		
<input type="checkbox"/>	Library		
<input type="checkbox"/>	Movies		
<input type="checkbox"/>	Music		
<input type="checkbox"/>	Pictures		
<input type="checkbox"/>	Public		

パッケージ群のインストール

参考程度。パッケージ群のインストールとは、圧縮ファイルをダウンロードし、解凍するという作業を行なっています。ダウンロードした圧縮ファイルの場所は①のようにインストール中及び最後に示されています。この圧縮ファイルはRを終了すると削除されるので、保存しておきたい場合には別の場所に移動させておく必要があります。①(シングルクォーテーションの中身)をコピーして、② Terminalタブに移動すると、Linuxコマンドを使えます。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

```
R 4.2.0 · ~/
for details

replacement repositories:
  CRAN: https://cran.rstudio.com/

Bioconductor version 3.15 (BiocManager 1.30.17), R 4.2.0 (2022-04-22)
Installing package(s) 'BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38'
ソースパッケージ 'BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38' をインストール中です

URL 'https://bioconductor.org/packages/3.15/data/annotation/src/contrib/BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38_1.3.1000.tar.gz' を試しています
Content type 'application/x-gzip' length 845207156 bytes (806.1 MB)
=====
downloaded 806.1 MB

* installing *source* package 'BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38' ...
** using staged installation
** R
** inst
** byte-compile and prepare package for lazy loading
** help
*** installing help indices
** building package indices
** testing if installed package can be loaded from temporary location
** testing if installed package can be loaded from final location
** testing if installed package keeps a record of temporary installation path
* DONE (BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38)

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
'~/private/var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T/RtmptryWq0/downloaded_packages'
> no
エラー: オブジェクト 'no' がありません
> #####
>
>
```

The Terminal tab in the RStudio interface is highlighted with a red arrow labeled ②.

The file explorer shows the following files and folders:

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	May 12, 2022
.r		
Applications		
Desktop		
Documents		
Downloads		
Library		
Movies		
Music		
Pictures		
Public		

パッケージ群のインス

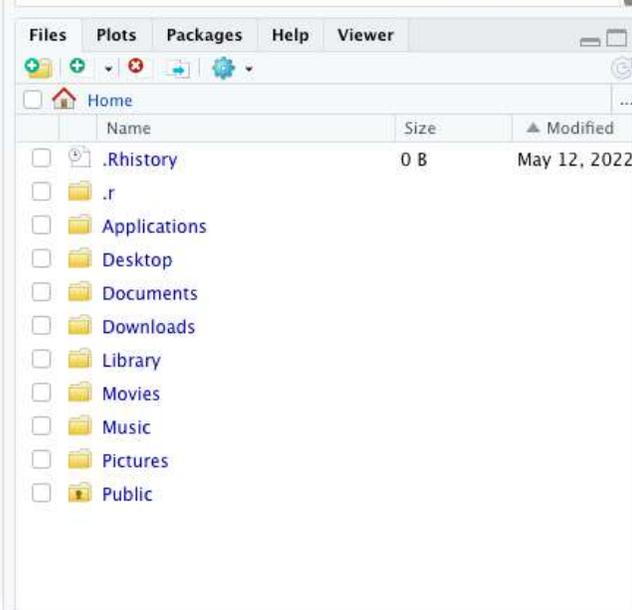
参考程度。Terminalタブで、cdコマンド、スペース(半角1個)、先程コピーした圧縮ファイルの場所を1行でペーストし、downloaded packagesディレクトリに移動します。エラーが出なければ・・・(入力間違い等があると、エラーになります)

```
MacBook-Pro:~ student$ cd /private/var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T/RtmptryWq0/downloaded_packages
```

```
cd /private/var/folders/p3  
/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T/RtmptryWq0/downloaded_packages
```

```
#devtools::install_github("andrewsali/plotlyBars", ...  
#devtools::install_github("aroneklund/beeswarm", u...  
#no  
#devtools::install_github("edwindj/ffbase", subdir...  
#no
```

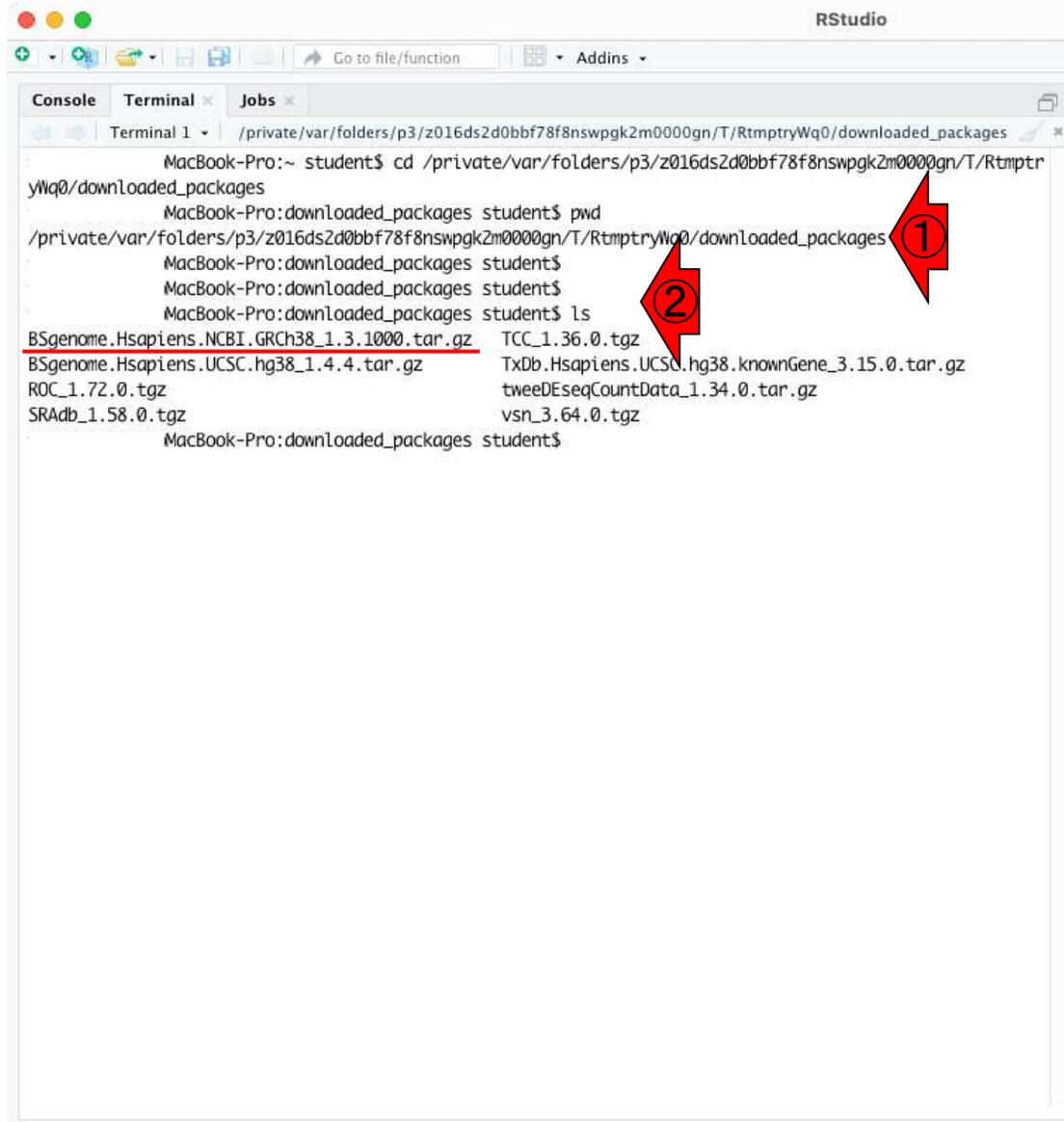
```
no  
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh3...  
no  
#####
```



パッケージ群のインストール

参考程度。次に①pwdコマンドを入力(し、リターンキーを押下)で実際に移動できたことを確認。②lsコマンドを実行すると、ダウンロードされた圧縮ファイルがあることを確認できます。

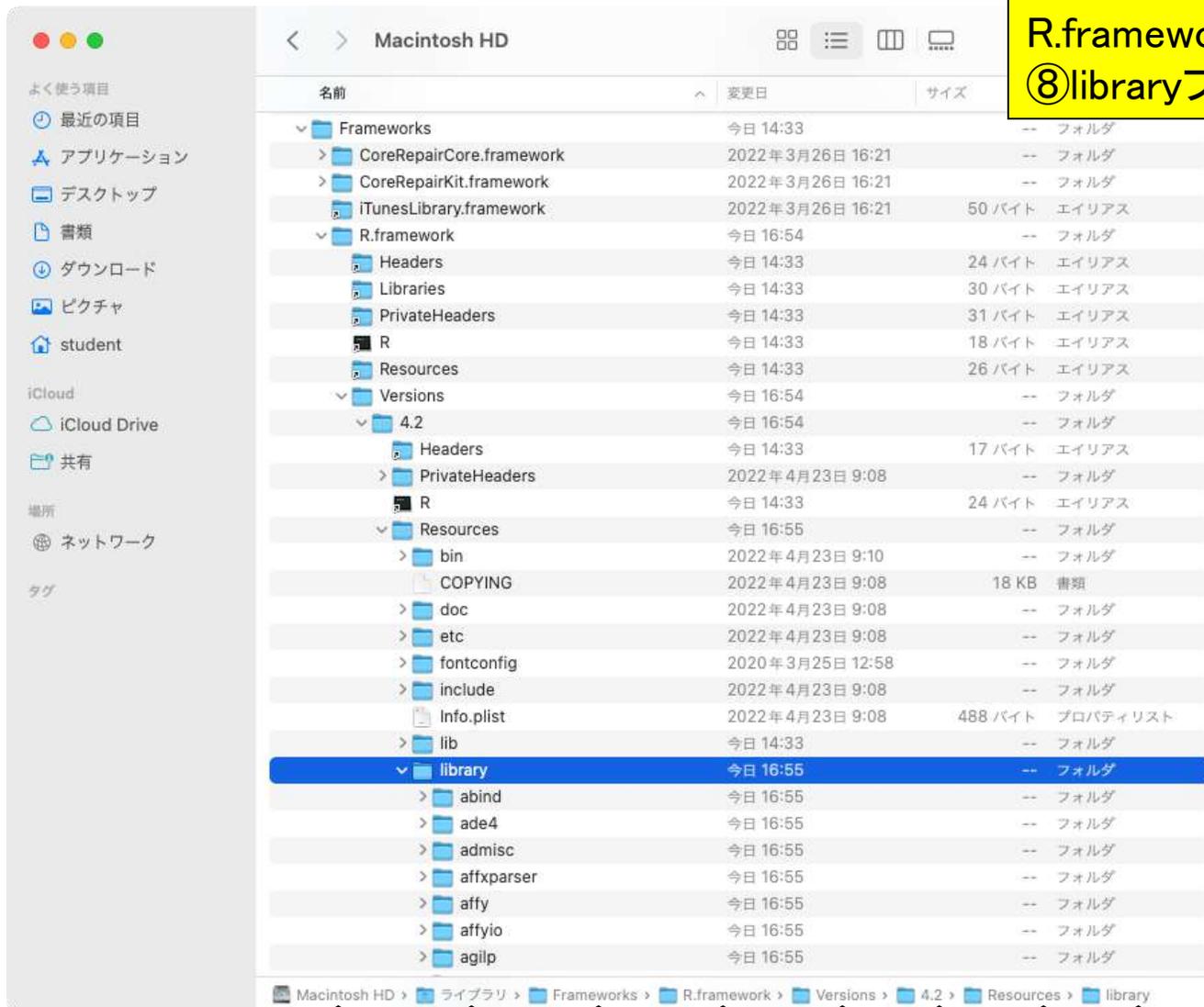
つまりパッケージ群のインストールとは、このように圧縮ファイルをダウンロードし、解凍するという作業を行なっています。多くのパッケージをインストール終了後の、ダウンロードした一時ファイルのサイズは、1つ1つはさほど大きくなくても、大量のパッケージが蓄積されていけば非常に大きなサイズになります。よほどの理由がない限りは別途保存しておくことはお勧めしません。必要に応じて再ダウンロードすれば良いからです。



```
MacBook-Pro:~ student$ cd /private/var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T/RtmptryWq0/downloaded_packages
MacBook-Pro:downloaded_packages student$ pwd
/private/var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T/RtmptryWq0/downloaded_packages
MacBook-Pro:downloaded_packages student$
MacBook-Pro:downloaded_packages student$
MacBook-Pro:downloaded_packages student$ ls
BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38.1.3.1000.tar.gz  TCC_1.36.0.tgz
BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38.1.4.4.tar.gz     TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene_3.15.0.tar.gz
ROC_1.72.0.tgz                               tweedeSeqCountData_1.34.0.tar.gz
SRadb_1.58.0.tgz                             vsn_3.64.0.tgz
MacBook-Pro:downloaded_packages student$
```

パッケージ群のインストール

一方、実際にインストールされたパッケージの場所は、事前準備でも示したように、① Macintosh HD ②ライブラリ ③Frameworks ④ R.framework ⑤Versions ⑥4.2 ⑦Resources ⑧libraryフォルダの中になります。



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
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- インストール確認
- エラーへの対処

インストール確認

(Rで)塩基配列解析 x +
iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#install_Rpackages_minimur

3. インストール確認

以下を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。代表的なパッケージ群が正しくインストール結果(特に2回目)で何のエラーメッセージも出なければOK。もし出たら、「インストール」考にして、エラーが出たパッケージのインストールを個別に行ってください。

```
#1回目  
library(ape)  
library(baySeq)  
library(beeswarm)  
library(bio3d)  
library(biomaRt)  
library(Biostrings)  
library(bit)  
library(BSgenome)  
library(BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38)  
library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38)  
library(cclust)  
library(cluster)  
library(clusterStab)  
library(corrplot)  
library(dada2)  
library(data.table)  
library(DESeq2)  
library(devtools)  
library(dplyr)  
library(DT)  
library(e1071)  
library(edgeR)
```

パッケージ群が無事インストールできているかを確認します。①確認の文字がページ上部に来る程度まで画面をスクロールします。作業自体は、さきほどと同じくコピペです。ここではアグリバイオの講義で使いそうなパッケージを実際に読み込む(ロードする)作業を行っています。1回目とか2回目とか書いていますが、中身は同じです。1回目はごちゃごちゃ様々なメッセージが出ます。2回目はエラーが出て読み込めなかったパッケージのみメッセージが出ることを利用しています。

[トップページへ](#)

インストール確認



3. インストール確認

以下を「R コンソール画面」上でコピー&ペースト。代表的なパッケージ群が正しくインストールされたかを確認しています。この実行結果(特に2回目)で何のエラーメッセージも出なければOK。もし出たら、「インストール | Rパッケージ | [個別\(2018年11月以降\)](#)」を参考にして、エラーが出たパッケージのインストールを個別に行ってください。

```
library(rmarkdown)
library(rrBLUP)
library(Rsamtools)
library(rentrez)
library(rtracklayer)
library(Rtsne)
library(scatterplot3d)
library(seqinr)
library(seqLogo)
library(shiny)
library(shinydashboard)
library(shinyWidgets)
library(ShortRead)
library(som)
library(splatter)
library(SRAdb)
library(TCC)
library(tidyverse)
library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene)
library(umap)
library(zoo)
#####
```



「#1回目 library(ape) library(baySeq) library(...)」を検索

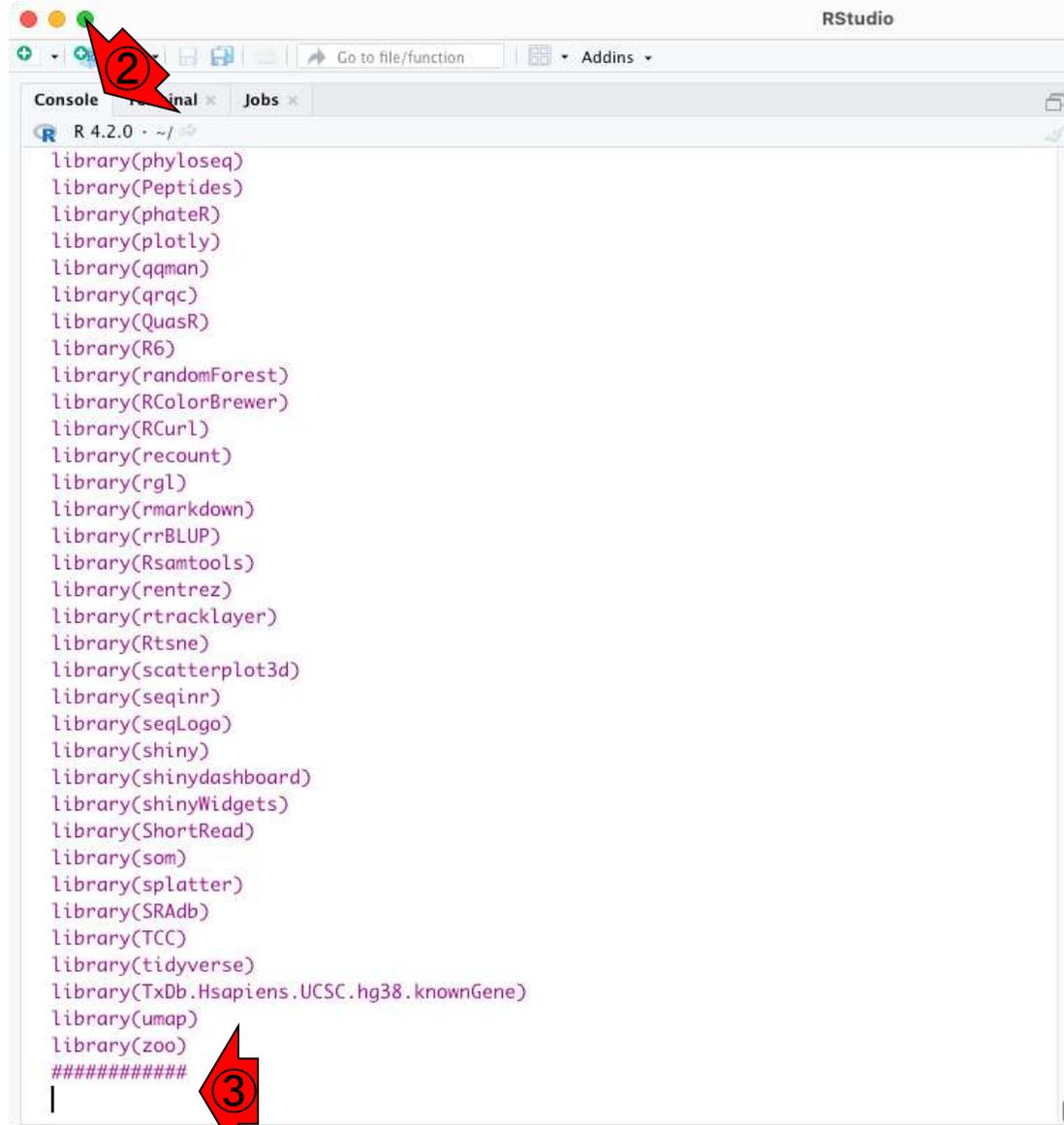
- コピー**
- 選択箇所へのリンクをコピー
- Google で「#1回目 library(ape) library(baySeq) library(...)」を検索
- 印刷...

- 検証
- スピーチ >
- サービス >

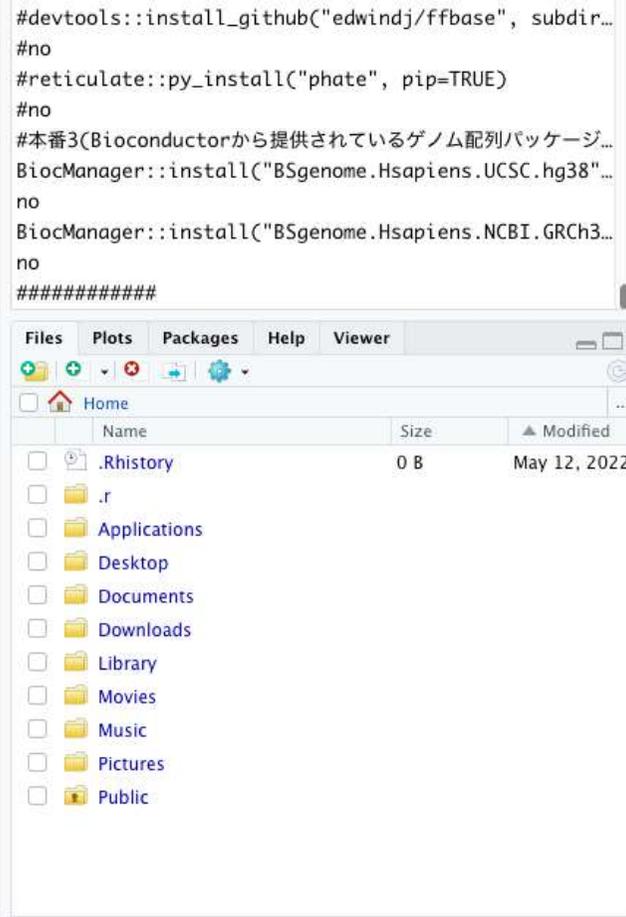
[トップページへ](#)

インストール確認

赤枠内のコード全体を①コピーして… ②Rコンソール画面上で、右クリックでペースト。③まだコマンドが実行されていない状態ですので、**return(enter)キーを押して実行**します。インストール完了直後の状態でも、一旦終了してRを再び起動させたあとの状態でもどちらでもかまいません。



```
R 4.2.0 ~/  
library(phyloseq)  
library(Peptides)  
library(phateR)  
library(plotly)  
library(qqman)  
library(qrqc)  
library(QuasR)  
library(R6)  
library(randomForest)  
library(RColorBrewer)  
library(RCurl)  
library(recount)  
library(rgl)  
library(rmarkdown)  
library(rrBLUP)  
library(Rsamtools)  
library(rentrez)  
library(rtrackLayer)  
library(Rtsne)  
library(scatterplot3d)  
library(seqinr)  
library(seqLogo)  
library(shiny)  
library(shinydashboard)  
library(shinyWidgets)  
library(ShortRead)  
library(som)  
library(splatter)  
library(SRAdb)  
library(TCC)  
library(tidyverse)  
library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene)  
library(umap)  
library(zoo)  
#####  
|
```



```
#devtools::install_github("edwindj/ffbase", subdir...  
#no  
#reticulate::py_install("phate", pip=TRUE)  
#no  
#本番3(Bioconductorから提供されているゲノム配列パッケージ...  
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38" ...  
no  
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh3...  
no  
#####  
Files Plots Packages Help Viewer  
Home  
Name Size Modified  
[x] .Rhistory 0 B May 12, 2022  
[x] .r  
[x] Applications  
[x] Desktop  
[x] Documents  
[x] Downloads  
[x] Library  
[x] Movies  
[x] Music  
[x] Pictures  
[x] Public
```

インストール確認

途中経過。こんな感じで画面がどんどん遷移します。1分程度で終了します。

RStudio

Console

```
R 4.2.0 · ~/
```

```
trim
```

以下のオブジェクトは 'package:ape' からマスクされています:

```
consensus
```

```
> library(biomaRt)
```

```
> library(Biostrings)
```

要求されたパッケージ XVector をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'Biostrings'

以下のオブジェクトは 'package:bio3d' からマスクされています:

```
mask
```

以下のオブジェクトは 'package:ape' からマスクされています:

```
complement
```

以下のオブジェクトは 'package:base' からマスクされています:

```
strsplit
```

```
> library(bit)
```

次のパッケージを付け加えます: 'bit'

以下のオブジェクトは 'package:base' からマスクされています:

```
xor
```

```
> library(BSgenome)
```

要求されたパッケージ rtracklayer をロード中です

Environment

```
no
```

```
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh3...
```

```
no
```

```
#####
```

```
#1回目
```

```
library(ape)
```

```
library(baySeq)
```

```
library(beeswarm)
```

```
library(bio3d)
```

```
library(biomaRt)
```

```
library(Biostrings)
```

```
library(bit)
```

```
library(BSgenome)
```

Files

	Name	Size	Modified
<input type="checkbox"/>	Home		
<input type="checkbox"/>	.Rhistory	0 B	May 12, 2022
<input type="checkbox"/>	.r		
<input type="checkbox"/>	Applications		
<input type="checkbox"/>	Desktop		
<input type="checkbox"/>	Documents		
<input type="checkbox"/>	Downloads		
<input type="checkbox"/>	Library		
<input type="checkbox"/>	Movies		
<input type="checkbox"/>	Music		
<input type="checkbox"/>	Pictures		
<input type="checkbox"/>	Public		

インストール確認

終了後の状態。上にスクロールし、「2回目」の実行でメッセージが出たものを確認。

The screenshot shows the RStudio interface. The terminal window on the left displays the following output:

```
R 4.2.0 ~/  
1.8.0_241.jdk/Contents/Home/jre/lib/server/libGLU.1.dylib' (no such file), '/var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T/rstudio-fallback-library-path-0KdH7i/libGLU.1.dylib' (no such file)  
エラー: package or namespace load failed for 'rgl':  
 .onLoad は loadNamespace() ('rgl' に対する) の中で失敗しました、詳細は:  
 call: rgl.init(initValue, onlyNULL)  
 error: OpenGL is not available in this build  
追加情報: 警告メッセージ:  
1: Loading rgl's DLL failed.  
 This build of rgl depends on XQuartz, which failed to load.  
 See the discussion in https://stackoverflow.com/a/66127391/2554330  
2: Trying without OpenGL...  
> library(rmarkdown)  
> library(rrBLUP)  
> library(Rsamtools)  
> library(rentrez)  
> library(rtracklayer)  
> library(Rtsne)  
> library(scatterplot3d)  
> library(seqinr)  
> library(seqLogo)  
> library(shiny)  
> library(shinydashboard)  
> library(shinyWidgets)  
> library(ShortRead)  
> library(som)  
> library(splatter)  
> library(SRAdb)  
> library(TCC)  
> library(tidyverse)  
> library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene)  
> library(umap)  
> library(zoo)  
> #####  
>  
> |
```

The Environment pane on the right shows the following loaded packages:

```
library(shiny)  
library(shinydashboard)  
library(shinyWidgets)  
library(ShortRead)  
library(som)  
library(splatter)  
library(SRAdb)  
library(TCC)  
library(tidyverse)  
library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene)  
library(umap)  
library(zoo)  
#####
```

The Files pane at the bottom shows the file browser view with the following table:

	Name	Size	Modified
<input type="checkbox"/>	Home		
<input type="checkbox"/>	.Rhistory	0 B	May 12, 2022
<input type="checkbox"/>	.r		
<input type="checkbox"/>	Applications		
<input type="checkbox"/>	Desktop		
<input type="checkbox"/>	Documents		
<input type="checkbox"/>	Downloads		
<input type="checkbox"/>	Library		
<input type="checkbox"/>	Movies		
<input type="checkbox"/>	Music		
<input type="checkbox"/>	Pictures		
<input type="checkbox"/>	Public		

インストール確認

rglの実行に失敗しています。2022年5月12日現在、rglをインストールするにはXQuartzが必要な場合があることが判っており、ここでもXQuartzsに関するメッセージが表示されていますが、いずれも自身の解析に必要なパッケージである場合に対処すれば良いと思います。対処方法はケースバイケースなので、ここでは省略します。

```
RStudio
Go to file/function
Addins
Console Terminal Jobs
R 4.2.0 ~ /
> library(RCurl)
> library(recount)
> library(rgl)
Registered S3 methods overwritten by 'rgl':
  method      from
knit_print.rglId
knit_print.rglOpen3d
sew.rglRecordedplot
Error in dyn.load(dynlib <- getDynlib(dir)) :
  共有ライブラリ '/Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.2/Resources/library/rgl/libs/rgl.so' を読み込めません:
  dlopen(/Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.2/Resources/library/rgl/libs/rgl.so, 0x0006): Library not loaded: /opt/X11/lib/libGLU.1.dylib
  Referenced from: /Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.2/Resources/library/rgl/libs/rgl.so
  Reason: tried: '/opt/X11/lib/libGLU.1.dylib' (no such file), '/Library/Frameworks/R.framework/Resources/lib/libGLU.1.dylib' (no such file), '/Users/student/lib/libGLU.1.dylib' (no such file), '/usr/local/lib/libGLU.1.dylib' (no such file), '/usr/lib/libGLU.1.dylib' (no such file), '/lib/libGLU.1.dylib' (no such file), '/Library/Java/JavaVirtualMachines/jdk1.8.0_241.jdk/Contents/Home/jre/lib/server/libGLU.1.dylib' (no such file), '/var/folders/p3/z016ds2d0bbf78f8nswpgk2m0000gn/T/rstudio-fallback-library-path-0KDh7i/libGLU.1.dylib' (no such file)
エラー: package or namespace load failed for 'rgl':
.onLoad は loadNamespace() ('rgl' に対する) の中で失敗しました、詳細は:
call: rgl.init(initValue, onlyNULL)
error: OpenGL is not available in this build
追加情報: 警告メッセージ:
1: Loading rgl's DLL failed.
   This build of rgl depends on XQuartz, which failed to load.
   See the discussion in https://stackoverflow.com/a/66127391/2554330
2: Trying without OpenGL...
> library(rmarkdown)
> library(rrBLUP)
> library(Rsamtools)
> library(rentrez)
> library(rtracklayer)
```

```
library(splatter)
library(SRadb)
library(TCC)
library(tidyverse)
library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene)
library(umap)
library(zoo)
#####
Files Plots Packages Help Viewer
Home
Name Size Modified
.Rhistory 0 B May 12, 2022
.r
Applications
Desktop
Documents
Downloads
Library
Movies
Music
Pictures
Public
```

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
- 画面の説明
- パッケージ群のインストール
- インストール確認
- エラーへの対処

エラーへの対処

この例では、GSVAおよびGSVAdataの実行に失敗し、パッケージが無いというメッセージが表示されています。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

Console:

```
R 4.2.0 ~/  
> library(DESeq2)  
> library(devtools)  
> library(dplyr)  
> library(DT)  
> library(e1071)  
> library(edgeR)  
> library(ff)  
> library(fields)  
> library(FinePop)  
> library(FinePop2)  
> library(FIT)  
> library(fitdistrplus)  
> library(GenomicAlignments)  
> library(GenomicFeatures)  
> library(GGally)  
> library(ggplot2)  
> library(glmnet)  
> library(GSAR)  
> library(GSVA)  
library(GSVA) でエラー: 'GSVA' という名前のパッケージはありません  
> library(GSVAdata)  
library(GSVAdata) でエラー:  
'GSVAdata' という名前のパッケージはありません  
> library(heatmaply)  
> library(KernSmooth)  
> library(knitr)  
> library(limma)  
> library(mapdata)  
> library(maps)  
> library(MASS)  
> library(MBCLuster.Seq)  
> library(microseq)  
> library(msa)  
> library(MVA)  
> library(openxlsx)  
> library(org.Hs.eg.db)
```

Environment:

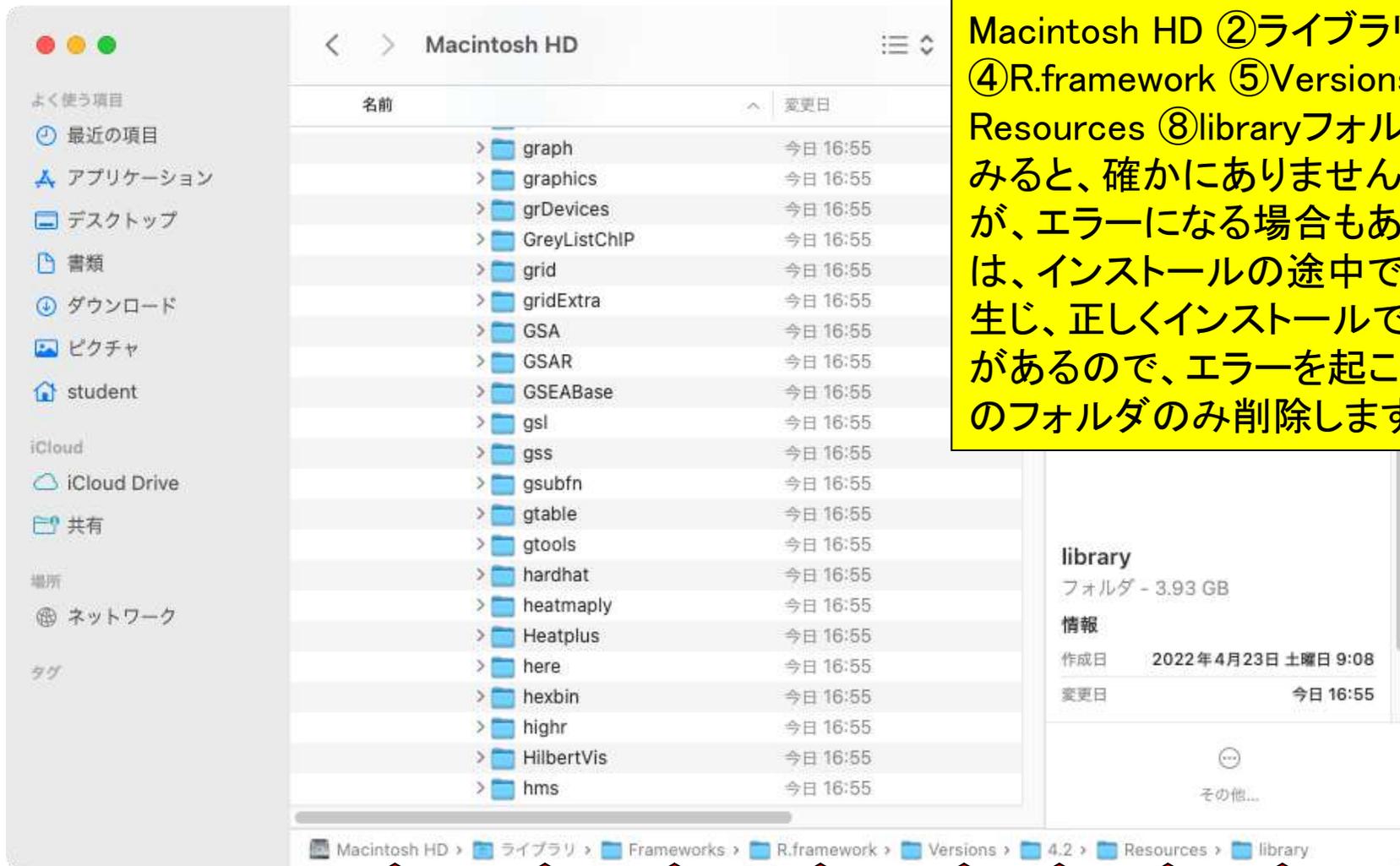
```
BiocManager::install("ICC", update=F)  
BiocManager::install("topGO", update=F)  
BiocManager::install("TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.know...  
BiocManager::install("vsn", update=F)  
#本番3(Bioconductorから提供されているゲノム配列パッケージ...  
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38"...  
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh3...  
#1回目  
library(ape)  
library(baySeq)  
library(beeswarm)  
library(bio3d)  
library(biomaRt)
```

Files:

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	May 17, 2022
.r		
Applications		
Desktop		
Documents		
Downloads		
Library		
Movies		
Music		
Pictures		
Public		

エラーへの対処

この例では、GSVAおよびGSVAdataの実行に失敗し、パッケージが無いというメッセージが表示されています。ライブラリがあるMacintosh HD ②ライブラリ ③Frameworks ④R.framework ⑤Versions ⑥4.2 ⑦Resources ⑧libraryフォルダの中を確認してみると、確かにありません。(フォルダはあるが、エラーになる場合もあります。この場合は、インストールの途中で何らかのエラーが生じ、正しくインストールできていない可能性があるため、エラーを起こしているパッケージのフォルダのみ削除します)。



エラーへの対処

RStudioのFileメニューから①New File、②R Scriptを開くと、Consoleの上に③エディタが開きます。

The screenshot shows the RStudio interface with the File menu open. Three red arrows point to specific elements: ① points to 'New File', ② points to 'R Script', and ③ points to the editor window. The console shows error messages for 'recount' and 'rmarkdown' packages. The environment pane shows installed packages like BiocManager and ape.

Console Output:

```
R 4.2.0 ~/  
> library(RCurl)  
> library(recount)  
library(recount) でエラー: 'recount' という名前のパッケージはありません  
> library(rgl)  
library(rgl) でエラー: 'rgl' という名前のパッケージはありません  
> library(rmarkdown)  
library(rmarkdown) でエラー: 'rmarkdown' という名前のパッケージはありません  
> library(rrBLUP)  
> library(Rsamtools)  
> library(rentrez)  
> library(rtracklayer)  
> library(Rtsne)  
> library(scatterplot3d)  
> library(seqinr)  
> library(seqLogo)
```

Environment Pane:

```
Environment History Connections Tutorial  
To Console To Source  
BiocManager::install("IC", update=F)  
BiocManager::install("topGO", update=F)  
BiocManager::install("TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.know...  
BiocManager::install("vsn", update=F)  
#本番3(Bioconductorから提供されているゲノム配列パッケージ...  
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38"...  
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh3...  
#1回目  
library(ape)  
library(baySeq)  
library(beeswarm)  
library(bio3d)  
library(biomaRt)
```

Files Pane:

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	May 17, 2022
.r		
Applications		
Desktop		
Documents		
Downloads		
Library		
Movies		
Music		
Pictures		
Public		

エラーへの対処

(Rで)塩基配列解析のトップページにアクセスし、②スクロールダウンして、③個別(2018年11月以降)にアクセスします。

(Rで)塩基配列解析
(last modified 2022/05/11)

このウェブページの多くは、[R](#)パッケージをインストール済みMacintosh2020.03.13版の[R](#)

[@Agrbio_utokyo](#)さんをフォロー

What's new? (過去のお知らせ)

- 「インストール | R本体とRStudio | 最新版 | [Win用](#) (last modified 2022/05/16) 推奨 **NEW**
- 「インストール | R本体とRStudio | 最新版 | [Mac用](#) (last modified 2022/05/16) 推奨 **NEW**
- 「インストール | R本体 | 過去版 | [Win用](#) (last modified 2015/03/22)
- 「インストール | R本体 | 過去版 | [Mac用](#) (last modified 2015/03/22)
- 「インストール | Rパッケージ | [Rパッケージ | について](#) (last modified 2018/11/13)
- 「インストール | Rパッケージ | [必要最小限プラスアルファ](#) (last modified 2022/05/13) 推奨 **NEW**
- 「インストール | Rパッケージ | [個別\(2018年11月以降\)](#) (last modified 2022/03/31) **3**
- 「インストール | Rパッケージ | [個別\(2018年11月以前\)](#) (last modified 2018/11/12)
- 「基本的な利用法」 (last modified 2022/05/17) **NEW**
- 「サンプルデータ」 (last modified 2019/09/06)
- 「イントロ | 一般 | [ランダムに行を抽出](#) (last modified 2014/07/17)

[トップページへ](#)

エラーへの対処

インストール | Rパッケージ | 個別 (2018年11月以降) の①赤枠部分のスクリーンショットを②コピーして、

文字通り、Rのパッケージを個別にインストールするやり方を示します。このウェブページでは、[Bioconductor](#)から提供されているパッケージを数多く利用しています。2018年10月31日リリースの[Bioconductor 3.8](#)より、インストール方法が変更されましたのでご注意ください。具体的には、[biocLite](#)から、`BiocManager::install`を利用するやり方に変更されました。「`BiocManager::install`」は「[BiocManager](#)というパッケージ中にあるinstall関数」という意味です。installという関数は他のパッケージでも提供されている可能性があるため、「どのパッケージが提供するinstall関数か」を明示したい場合に玄人がよく利用します。

1. [ゼブラフィッシュゲノムのパッケージ\(BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7\)](#)をインストールしたい場合:

400MB程度あります...

```
param <- "BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7" #パッケージ名を指定
#本番
BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
```

#後処理 (ウェブサイト上で見えているバージョンとの比較)
BiocManager::valid(param) #TRUEは
packageVersion(param) #バージョ

2. [TxDb.Rnorvegicus.UCSC.rn5.refGene](#)パッケージのインス

```
param <- "TxDb.Rnorvegicus.UCSC.rn5.refGene" #パッ
#本番
BiocManager::install(param, update=F) #paramで指
```

#後処理 (ウェブサイト上で見えているバージョンとの比較)
BiocManager::valid(param) #TRUEはOK、too newでもまあOK、out-of-dateなら注意

「param <- "BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7" #パッケージ名を指定...」を検索
コピー
選択箇所へのリンクをコピー
Googleで「param <- "BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7" #パッケージ名を指定...」を検索
印刷...
検証
スピーチ
サービス
トップページへ

エラーへの対処

インストール | Rパッケージ | 個別 (2018年11月以降)の①赤枠部分のスクリプトを②コピーして、RStudioのエディタに②ペーストします。しかし、これはBSgenome.***をインストールするスクリプトなので、

The screenshot shows the RStudio interface. The script editor on the left contains the following code:

```
1 param <- "BSgenome.Drerio.UCSC.danRer7"#パッケージ名を指定
2 #本番
3
4 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
5
```

A red box highlights lines 2, 3, and 4. A red circle with the number '2' is placed next to line 2. The console on the bottom left shows the following output:

```
R 4.2.0 ~ /
> library(ggplot2)
> library(glmnet)
> library(GSAR)
> library(GSVA)
library(GSVA) でエラー: 'GSVA' という名前のパッケージはありません
> library(GSVAdata)
library(GSVAdata) でエラー:
'GSVAdata' という名前のパッケージはありません
> library(heatmaply)
> library(KernSmooth)
> library(knitr)
> library(limma)
> library(mapdata)
> library(maps)
> library(MASS)
> library(MBCLuster.Seq)
> library(microseq)
```

The right pane shows the source code for the BiocManager::install function, with the following lines visible:

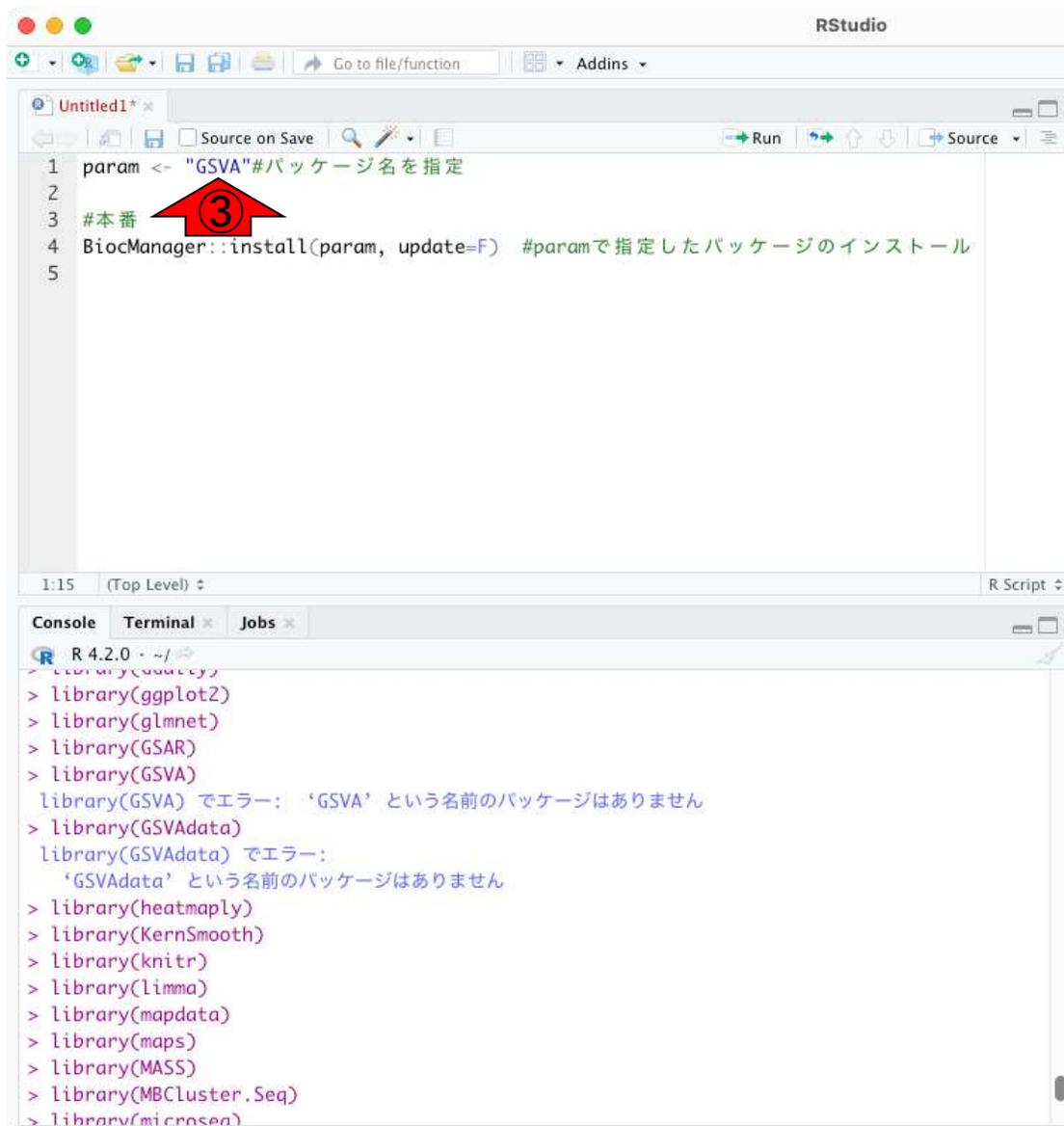
```
BiocManager::install("ICC", update=F)
BiocManager::install("topGO", update=F)
BiocManager::install("TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.know...
BiocManager::install("vsn", update=F)
#本番3(Bioconductorから提供されているゲノム配列パッケージ...
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38"...
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh3...
#1回目
library(ape)
library(baySeq)
library(beeswarm)
library(bio3d)
library(biomaRt)
```

The bottom right pane shows the file explorer with the following files and folders:

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	May 17, 2022
.r		
Applications		
Desktop		
Documents		
Downloads		
Library		
Movies		
Music		
Pictures		
Public		

エラーへの対処

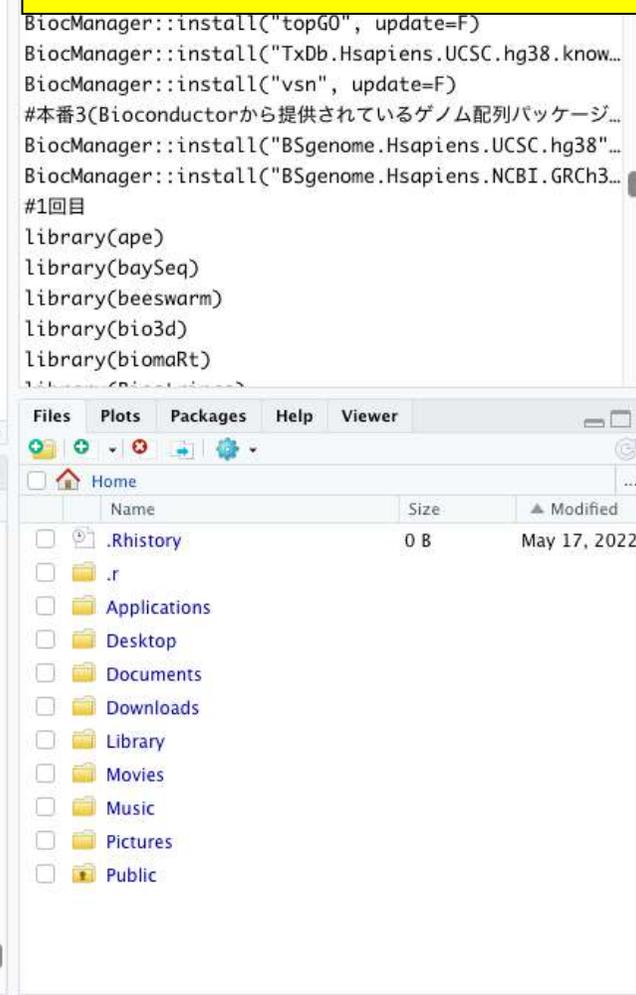
インストール | Rパッケージ | 個別 (2018年11月以降) の①赤枠部分のスクリプトを②コピーして、RStudioのエディタに②ペーストします。しかし、これはBSgenome.***をインストールするスクリプトなので、③パッケージ名を変更(ここではGSVA)、



```
1 param <- "GSVA"#パッケージ名を指定
2
3 #本番
4 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
5
```

Console

```
R 4.2.0 ~/  
> library(ggplot2)  
> library(glmnet)  
> library(GSAR)  
> library(GSVA)  
library(GSVA) でエラー: 'GSVA' という名前のパッケージはありません  
> library(GSVAdata)  
library(GSVAdata) でエラー:  
'GSVAdata' という名前のパッケージはありません  
> library(heatmaply)  
> library(KernSmooth)  
> library(knitr)  
> library(limma)  
> library(mapdata)  
> library(maps)  
> library(MASS)  
> library(MBCluster.Seq)  
> library(microseq)
```



```
BiocManager::install("topGO", update=F)  
BiocManager::install("TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.know...  
BiocManager::install("vsn", update=F)  
#本番3(Bioconductorから提供されているゲノム配列パッケージ...  
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38"...  
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh3...  
#1回目  
library(ape)  
library(baySeq)  
library(beeswarm)  
library(bio3d)  
library(biomaRt)
```

Files

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	May 17, 2022
.r		
Applications		
Desktop		
Documents		
Downloads		
Library		
Movies		
Music		
Pictures		
Public		

エラーへの対処

```
1 param <- "GSVA"#パッケージ名を指定
2 #本番
3 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
4
5
6
```

Console

```
R 4.2.0 ~/  
> library(som)  
> library(splatter)  
library(splatter) でエラー:  
'splatter' という名前のパッケージはありません  
> library(SRAdb)  
> library(TCC)  
> library(tidyverse)  
library(tidyverse) でエラー:  
'tidyverse' という名前のパッケージはありません  
> library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene)  
> library(umap)  
> library(zoo)  
> #####  
>  
>  
>  
>
```

インストール | Rパッケージ | 個別 (2018年11月以降)の①赤枠部分のスクリプトを②コピーして、RStudioのエディタに②ペーストします。しかし、これはBSgenome.***をインストールするスクリプトなので、③パッケージ名を変更(ここではGSVA)、④実行するスクリプト部分を選択(青色に反転)して、⑤Runボタンをクリックします。

```
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38"...  
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh3...  
#1回目  
library(ape)  
library(baySeq)  
library(beeswarm)  
library(bio3d)  
library(biomaRt)
```

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	May 17, 2022
.r		
Applications		
Desktop		
Documents		
Downloads		
Library		
Movies		
Music		
Pictures		
Public		

エラーへの対処

The screenshot shows the RStudio editor with the following R code:

```
1 param <- "GSVA"#パッケージ名を指定
2 #本番
3 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
4
5
6
```

Annotations in the image:

- ①: Points to the package name "GSVA" in line 1.
- ②: Points to the entire code block.
- ③: Points to the package name "GSVA" in line 1.
- ④: Points to the `BiocManager::install` function call in line 3.
- ⑤: Points to the Run button in the top toolbar.

The console output shows the execution of the code:

```
>
> param <- "GSVA"#パッケージ名を指定
>
> #本番
> BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
'getOption("repos")' replaces Bioconductor standard repositories, see '?repositories'
for details

replacement repositories:
  CRAN: https://cran.rstudio.com/

Bioconductor version 3.15 (BiocManager 1.30.17), R 4.2.0 (2022-04-22)
Installing package(s) 'GSVA'
依存対象 (dependency) 'rhdf5', 'rhdf5filters', 'Rhdf5lib', 'ScaledMatrix', 'rsvd', 'beachm
at', 'SingleCellExperiment', 'sparseMatrixStats', 'DelayedMatrixStats', 'HDF5Array', 'Bioc
Singular' もインストールします
```

インストール | Rパッケージ | 個別 (2018年11月以降)の①赤枠部分のスクリプトを②コピーして、RStudioのエディタに②ペーストします。しかし、これはBSgenome.***をインストールするスクリプトなので、③パッケージ名を変更(ここではGSVA)、④実行するスクリプト部分を選択(青色に反転)して、⑤Runボタンをクリックします。すると⑥パッケージのインストールが始まり、

The screenshot shows the RStudio Packages pane with the following installed libraries:

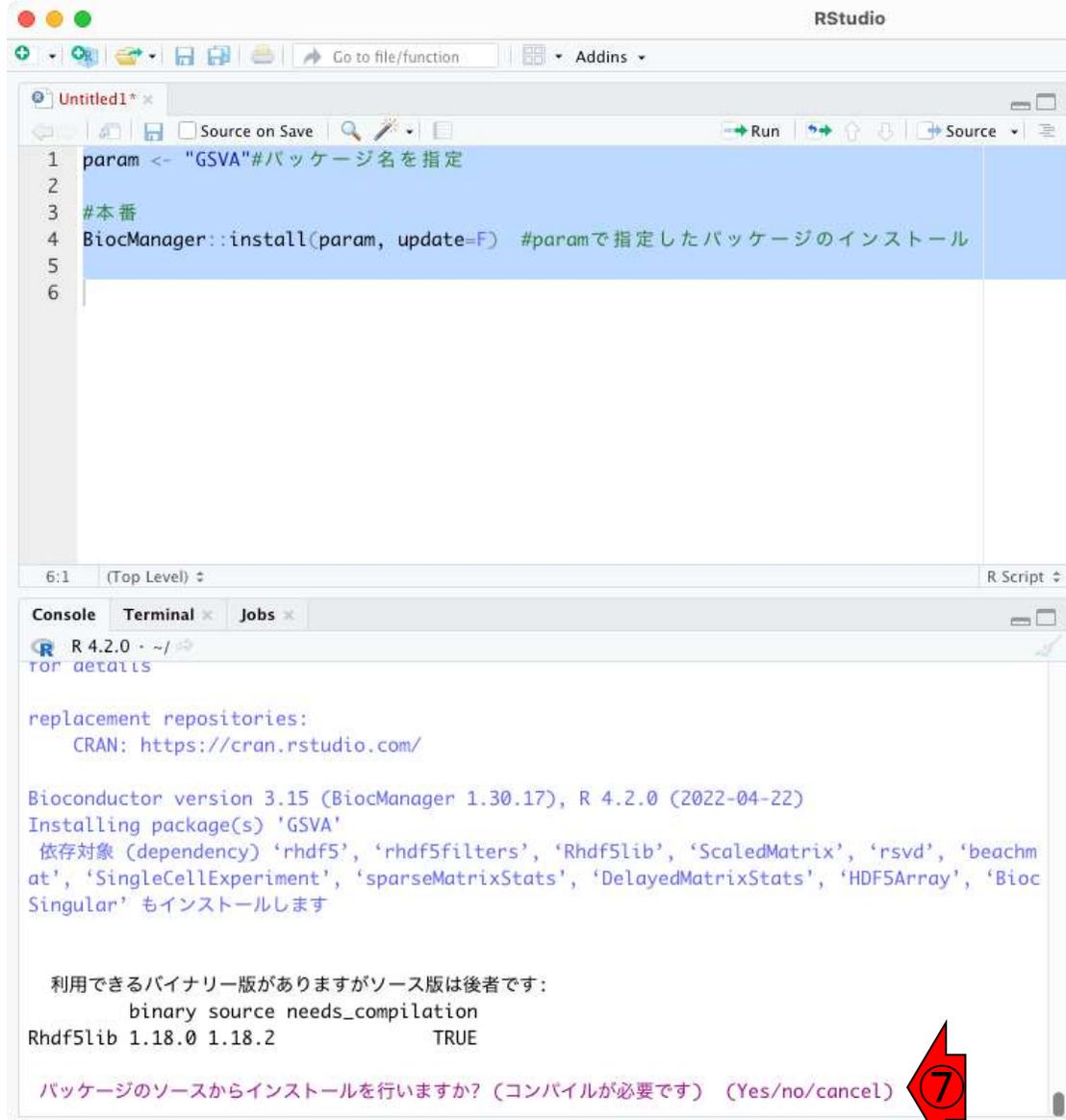
```
#1回目
library(ape)
library(baySeq)
library(beeswarm)
library(bio3d)
library(biomaRt)
```

The Packages pane also shows a list of installed packages:

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	May 17, 2022
.r		
Applications		
Desktop		
Documents		
Downloads		
Library		
Movies		
Music		
Pictures		
Public		

エラーへの対処

インストール | Rパッケージ | 個別 (2018年11月以降)の①赤枠部分のスクリプトを②コピーして、RStudioのエディタに②ペーストします。しかし、これはBSgenome.***をインストールするスクリプトなので、③パッケージ名を変更(ここではGSVA)、④実行するスクリプト部分を選択(青色に反転)して、⑤Runボタンをクリックします。すると⑥パッケージのインストールが始まり、⑦Yesを入力し、Enter。



```
1 param <- "GSVA"#パッケージ名を指定
2
3 #本番
4 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
5
6
```

Console

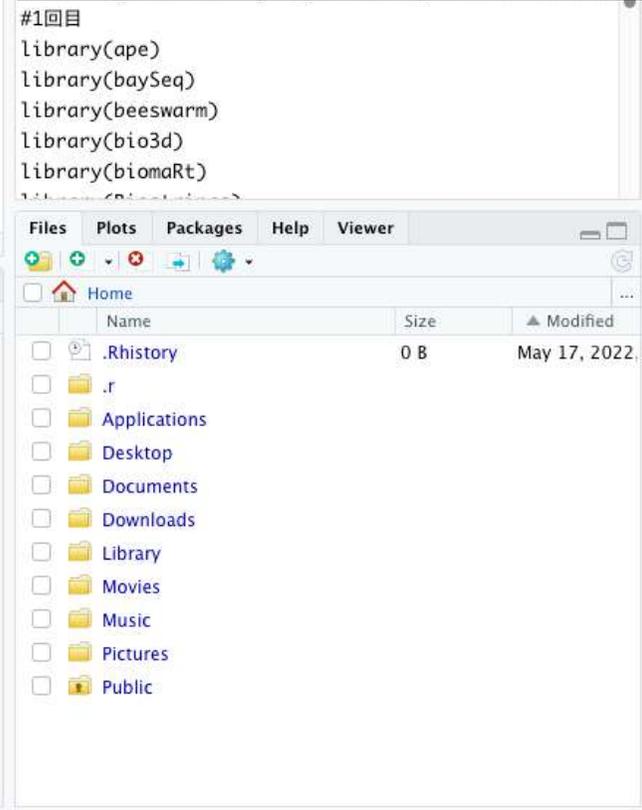
```
R 4.2.0 · ~/
> for details

replacement repositories:
  CRAN: https://cran.rstudio.com/

Bioconductor version 3.15 (BiocManager 1.30.17), R 4.2.0 (2022-04-22)
Installing package(s) 'GSVA'
依存対象 (dependency) 'rhdf5', 'rhdf5filters', 'Rhdf5lib', 'ScaledMatrix', 'rsvd', 'beachmat', 'SingleCellExperiment', 'sparseMatrixStats', 'DelayedMatrixStats', 'HDF5Array', 'BiocSingular' もインストールします

利用できるバイナリー版がありますがソース版は後者です:
      binary source needs_compilation
Rhdf5lib 1.18.0 1.18.2                TRUE

パッケージのソースからインストールを行いますか? (コンパイルが必要です) (Yes/no/cancel)
```



```
#1回目
library(ape)
library(baySeq)
library(beeswarm)
library(bio3d)
library(biomaRt)
```

Files | Plots | Packages | Help | Viewer

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	May 17, 2022
.r		
Applications		
Desktop		
Documents		
Downloads		
Library		
Movies		
Music		
Pictures		
Public		



エラーへの対処

インストール完了しました。①パッケージを実行してみます。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for installing a package named 'GSVA'.

```
1 param <- "GSVA"#パッケージ名を指定
2
3 #本番
4 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
5
6
```
- Environment/History:** Shows the execution of `BiocManager::install()` for various packages, including 'ape', 'baySeq', 'beeswarm', 'bio3d', and 'biomaRt'.
- Console:** Displays the output of the installation process, including messages like 'byte-compile and prepare package for lazy loading' and 'DONE (RhdF5lib)'. It also shows the path to the downloaded packages and the command `> library(GSVA)` being entered at the prompt. A red arrow with the number '1' points to this command.
- Files:** Shows the file explorer with a list of folders and files in the home directory, including `.Rhistory`, `.r`, `Applications`, `Desktop`, `Documents`, `Downloads`, `Library`, `Movies`, `Music`, `Pictures`, and `Public`.

エラーへの対処

インストール完了しました。①パッケージを実行してみます。②エラーなく実行できたので、正しくインストールできたと判断します。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for installing a package named 'GSVA'.

```
1 param <- "GSVA"#パッケージ名を指定
2
3 #本番
4 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
5
6
```
- Environment/History/Connections/Tutorial:** Shows the execution of `BiocManager::install()` for various packages including 'ape', 'baySeq', 'beeswarm', 'bio3d', and 'biomaRt'.
- Files/Plots/Packages/Help/Viewer:** Shows the file explorer with a list of folders and files in the home directory.
- Console:** Displays the output of the installation process, including the command `library(GSVA)` and a red lightning bolt icon with the number 2, indicating a successful execution.

エラーへの対処

エラーが出ることがわかっている例を示します。①rbamtoolsパッケージのインストールを実行してみます。②選択部分を③Runしてみると、

The screenshot shows the RStudio interface. The script editor contains the following code:

```
1 param <- "rbamtools"#パッケージ名を指定
2 #本番
3 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
4
5
6
```

Red arrows indicate the steps: ① points to the package name, ② points to the code line, and ③ points to the Run button. The console shows the output of the script execution:

```
R 4.2.0 ~ /
> library(seqnr)
> library(seqLogo)
> library(shiny)
> library(shinydashboard)
> library(shinyWidgets)
> library(ShortRead)
> library(som)
> library(splatter)
> library(SRAdb)
> library(TCC)
> library(tidyverse)
> library(TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.knownGene)
> library(umap)
> library(zoo)
> #####
>
>
```

The Environment pane on the right shows the loaded packages:

```
Environment History Connections Tutorial
BiocManager::install("ICC", update=F)
BiocManager::install("topGO", update=F)
BiocManager::install("TxDb.Hsapiens.UCSC.hg38.know...
BiocManager::install("vsn", update=F)
#本番3(Bioconductorから提供されているゲノム配列パッケージ...
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg38"...
BiocManager::install("BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh3...
#1回目
library(ape)
library(baySeq)
library(beeswarm)
library(bio3d)
library(biomaRt)
```

The Files pane at the bottom shows the file explorer with a table of files:

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	May 17, 2022
.r		
Applications		
Desktop		
Documents		
Downloads		
Library		
Movies		
Music		
Pictures		
Public		

エラーへの対処

エラーが出ることがわかっている例を示します。①rbamtoolsパッケージのインストールを実行してみます。②選択部分を③Runしてみると、④rbamtoolsはBioconductor ver. 3.15では利用できない、つまりR ver.4.2.0ではインストールできないということになります。

```
1 param <- "rbamtools"#パッケージ名を指定
2 #本番
3 BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
4
5
6
```

```
> param <- "rbamtools"#パッケージ名を指定
>
> #本番
> BiocManager::install(param, update=F) #paramで指定したパッケージのインストール
'getOption("repos")' replaces Bioconductor standard repositories, see '?repositories'
for details

replacement repositories:
  CRAN: https://cran.rstudio.com/

Bioconductor version 3.15 (BiocManager 1.30.17), R 4.2.0 (2022-04-22)
Installing package(s) 'rbamtools'
警告メッセージ:
package 'rbamtools' is not available for Bioconductor version '3.15'

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
>
```