2025.06.13版

R、RStudio、そしてRパッケージのインストール手順を示します。この資料はMacOS Sequoia 15.4環境・Google Chromeで作成しています。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。Windowsユーザによる作成のため間違い・より良い方法があるかもしれません。

R本体とRStudioとRパッケージのインストール（Mac版）

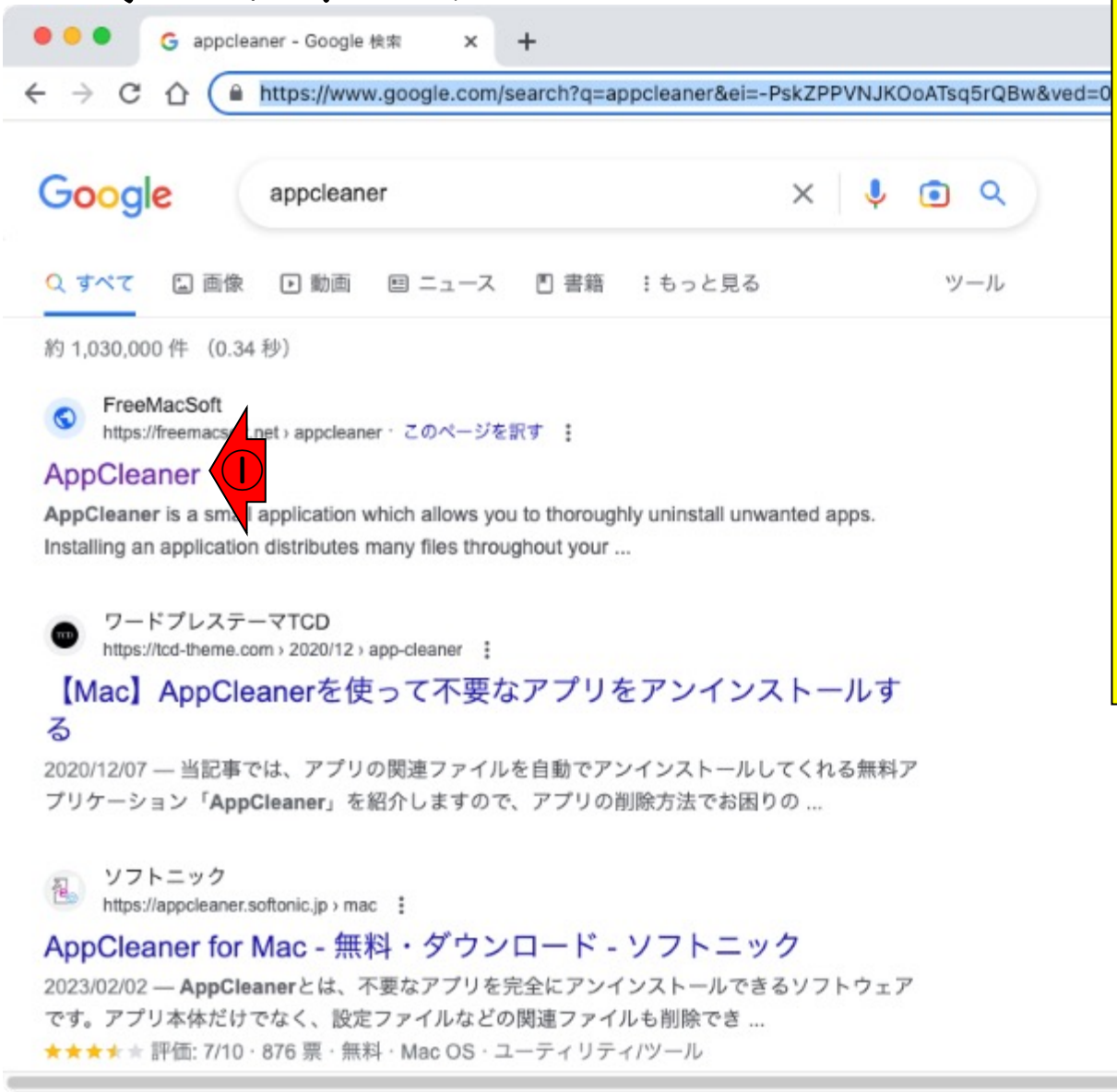
東京大学・大学院農学生命科学研究科
アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム
https://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/

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

Contents

- 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
- Mac環境設定（登録されている拡張子も表示する）
- Mac環境設定（隠しファイルも表示する）
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- Rパッケージ
  - CRANのパッケージのインストール
  - Bioconductorのパッケージのインストール
  - .tar.gzファイルのインストール（余力のあるヒト向け）

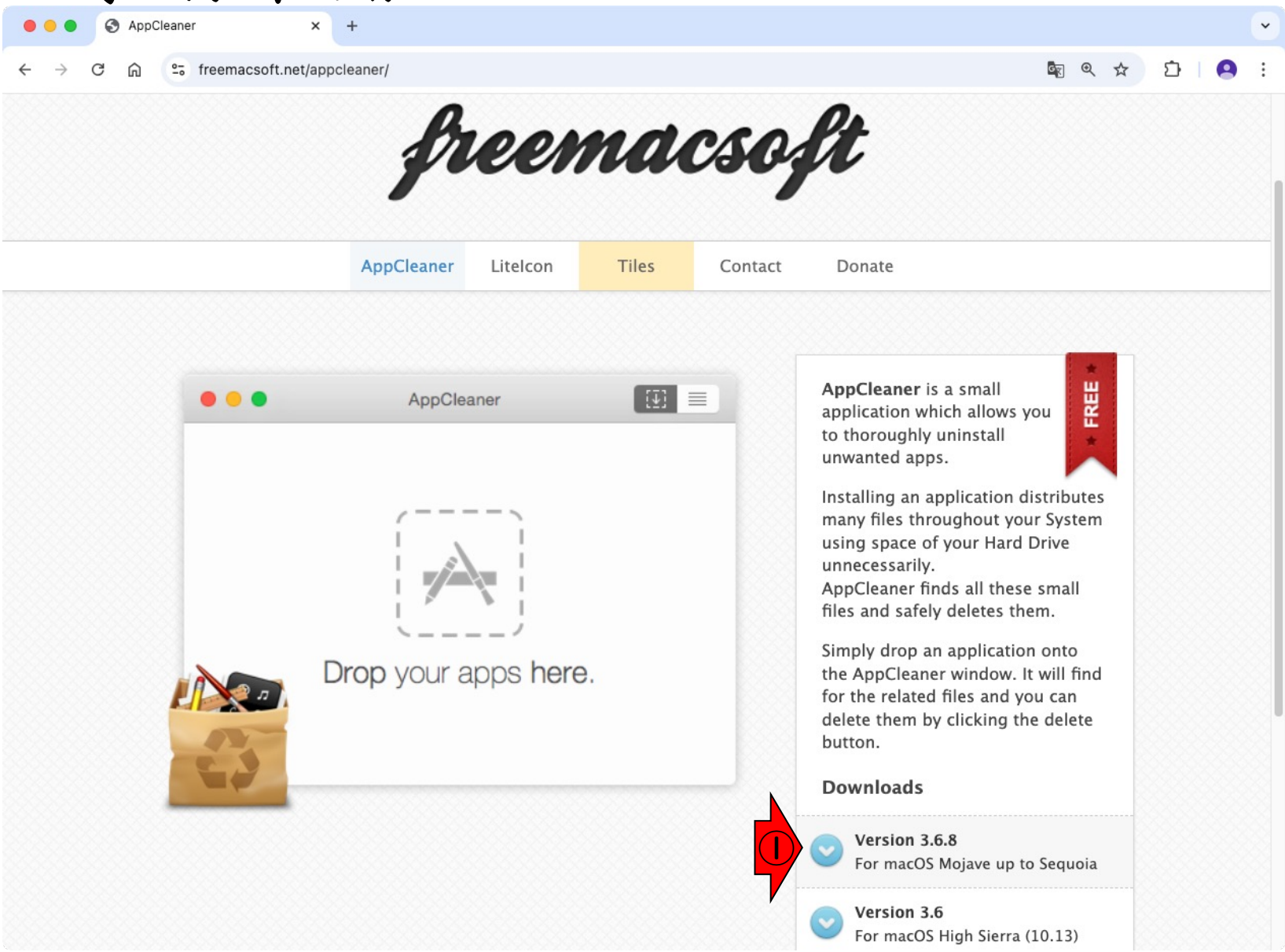
事前準備



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

事前準備

①使用しているOSに合っていることを確認し、最新バージョンをクリック。



事前準備

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

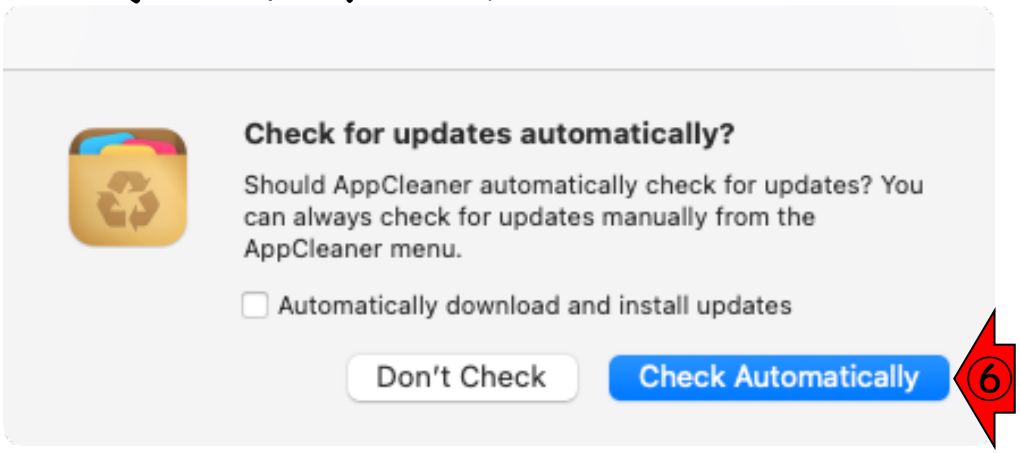
事前準備

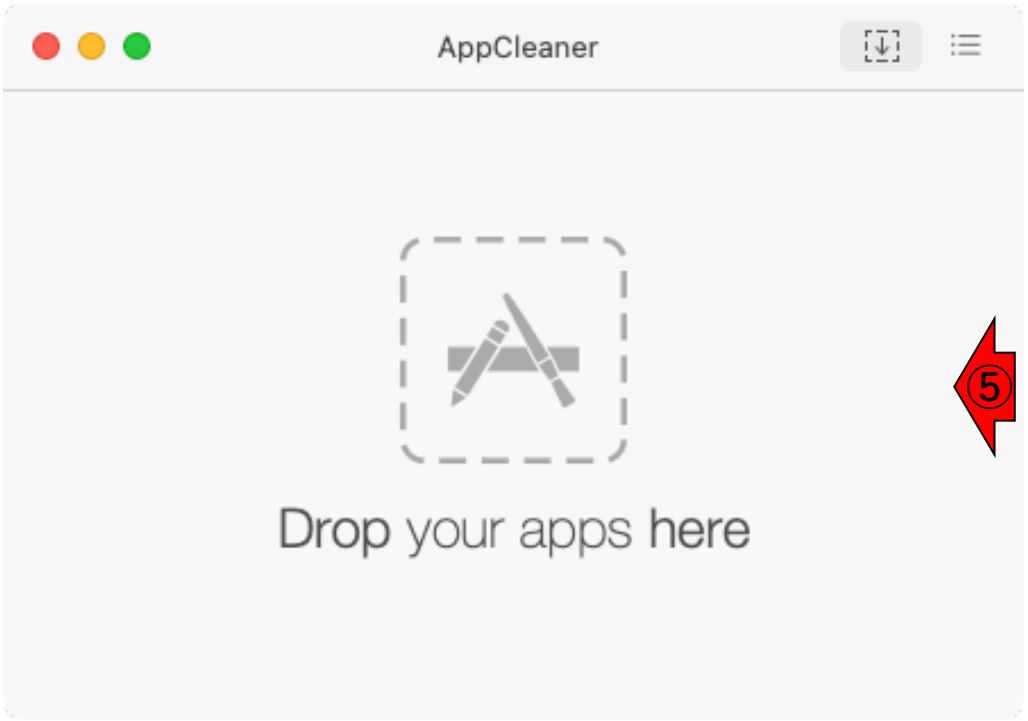
①ダウンロードフォルダにダウンロードした②zipファイルをダブルクリック（自動解凍）します。

事前準備

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

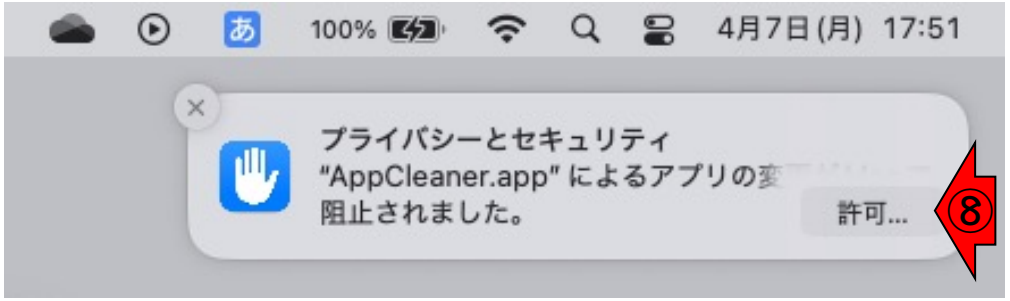
事前準備





①ダウンロードフォルダにダウンロードした②zipファイルをダブルクリック（自動解凍）します。
③AppCleaner.appができたので、これをダブルクリックします。すると、アプリケーションを起動してもよいか、確認メッセージが表示されるので、④開くをクリックします。⑤起動しました。⑥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。

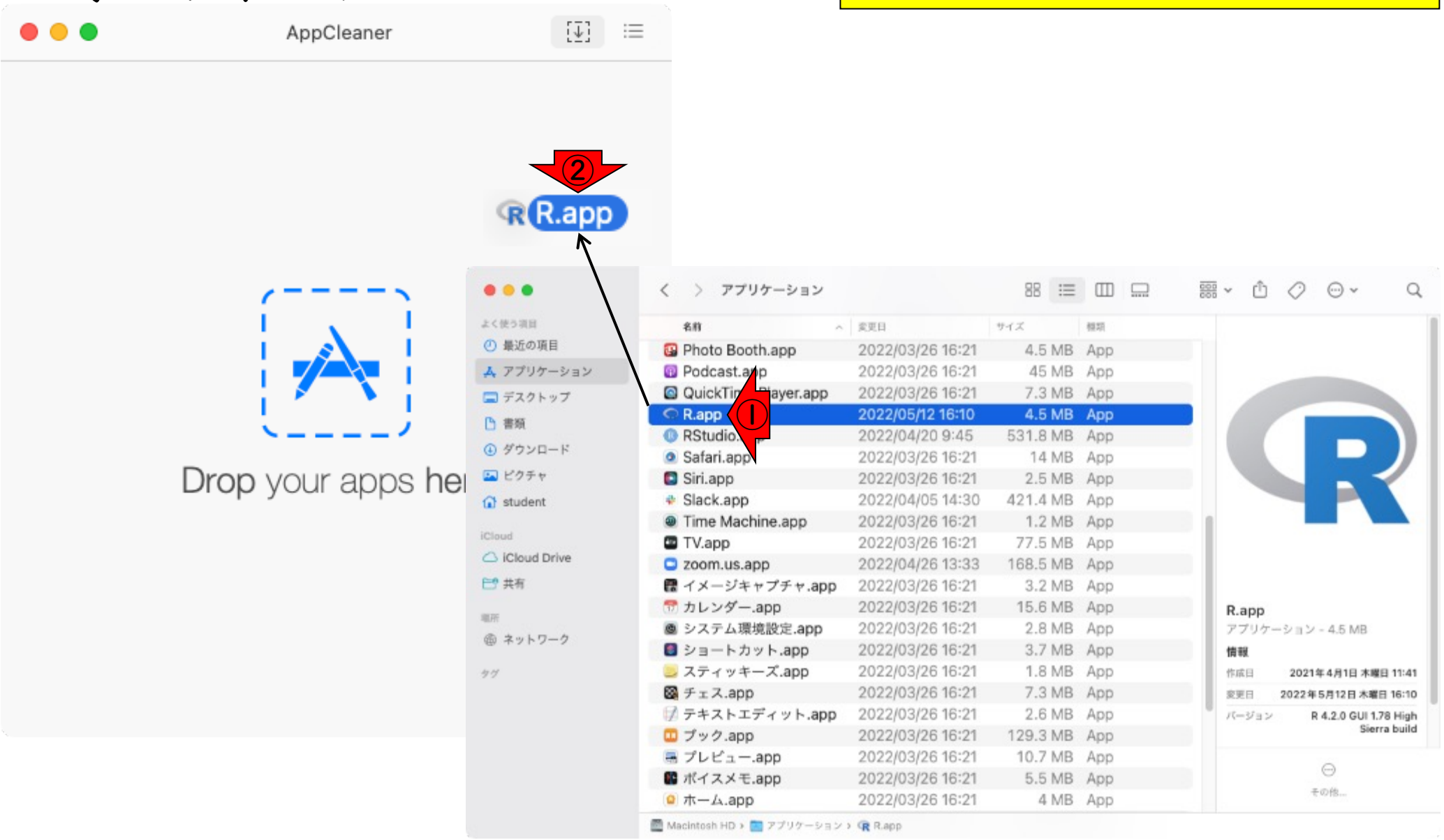
事前準備



①ダウンロードフォルダにダウンロードした②zipファイルをダブルクリック（自動解凍）します。
③AppCleaner.appができたので、これをダブルクリックします。すると、アプリケーションを起動してもよいか、確認メッセージが表示されるので、④開くをクリックします。⑤起動しました。⑥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。
（参考）⑦「プライバシーとセキュリティ」の通知（”AppCleaner.app”によるアプリの変更がMacで阻止されました。）が表示されたら、マウスカーソルをあわせると⑧「許可...」が表示されるので、これをクリックして許可します。起動したアプリ管理ウィンドウで⑨許可の状態に設定を変更します。

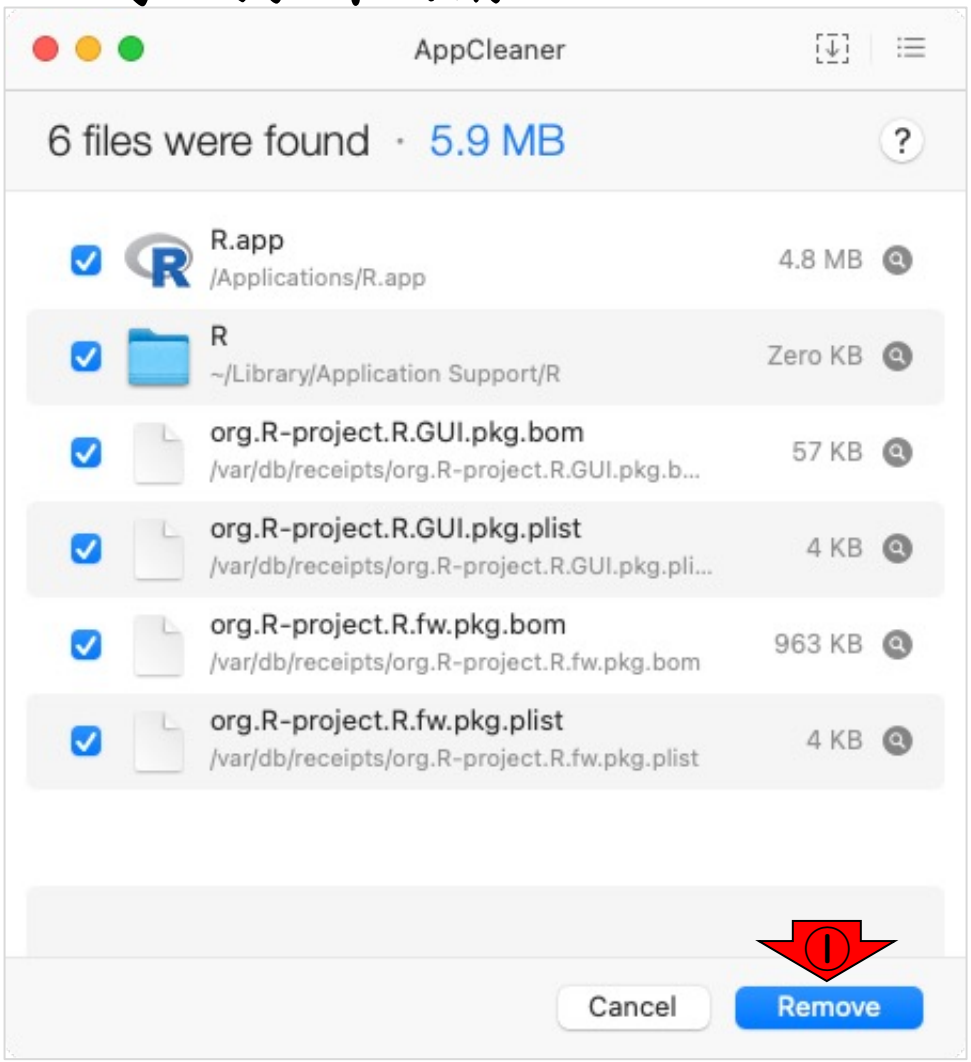
事前準備

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



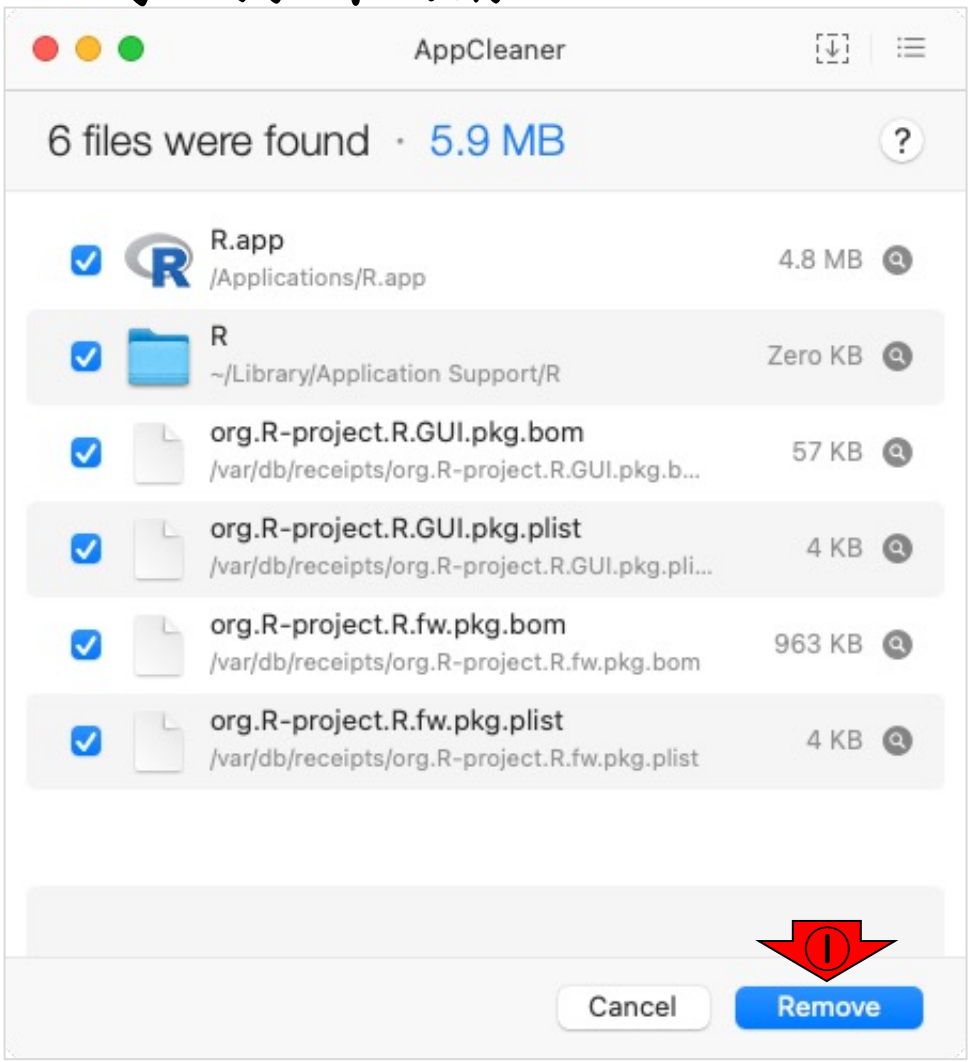
事前準備

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



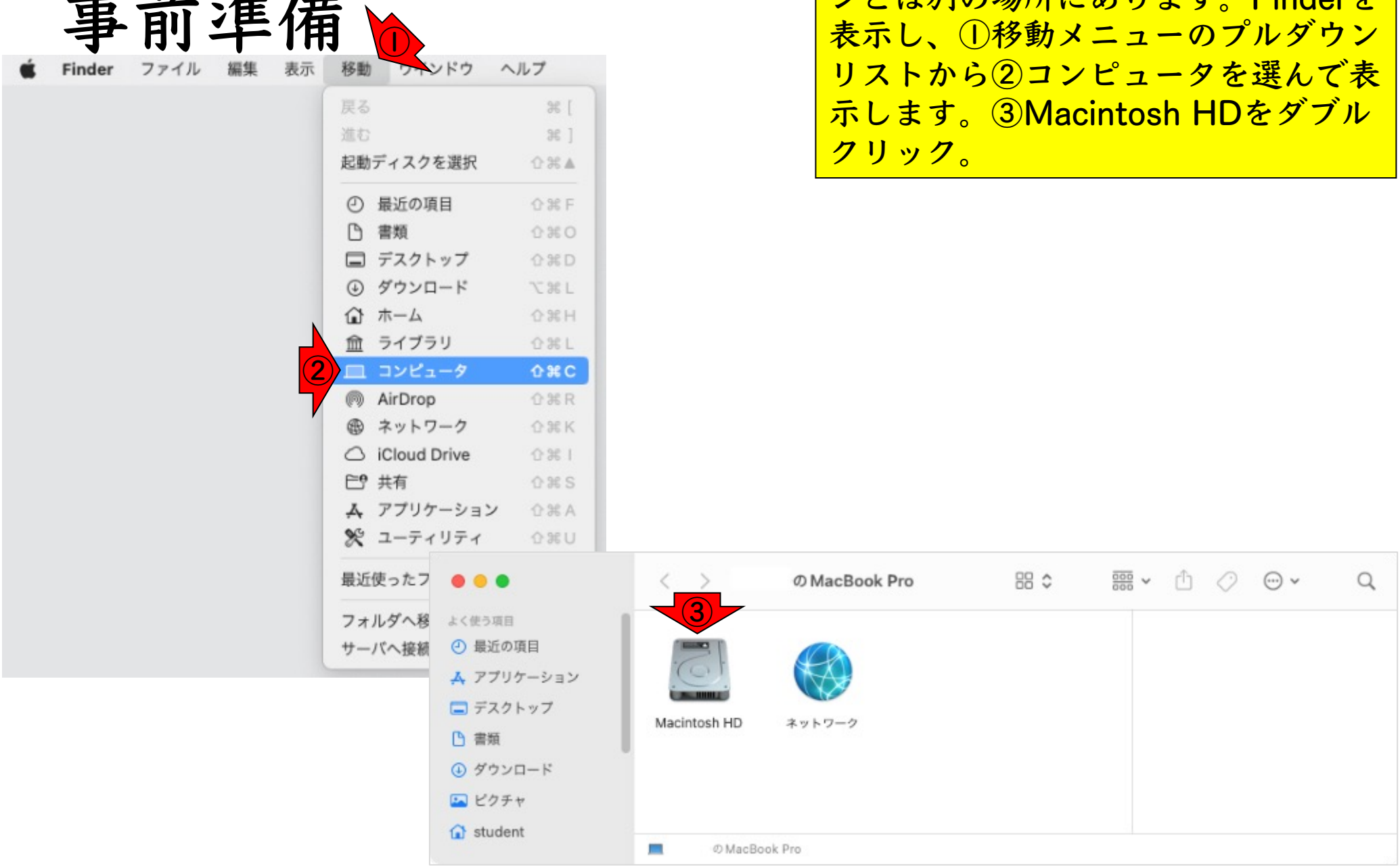
事前準備

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



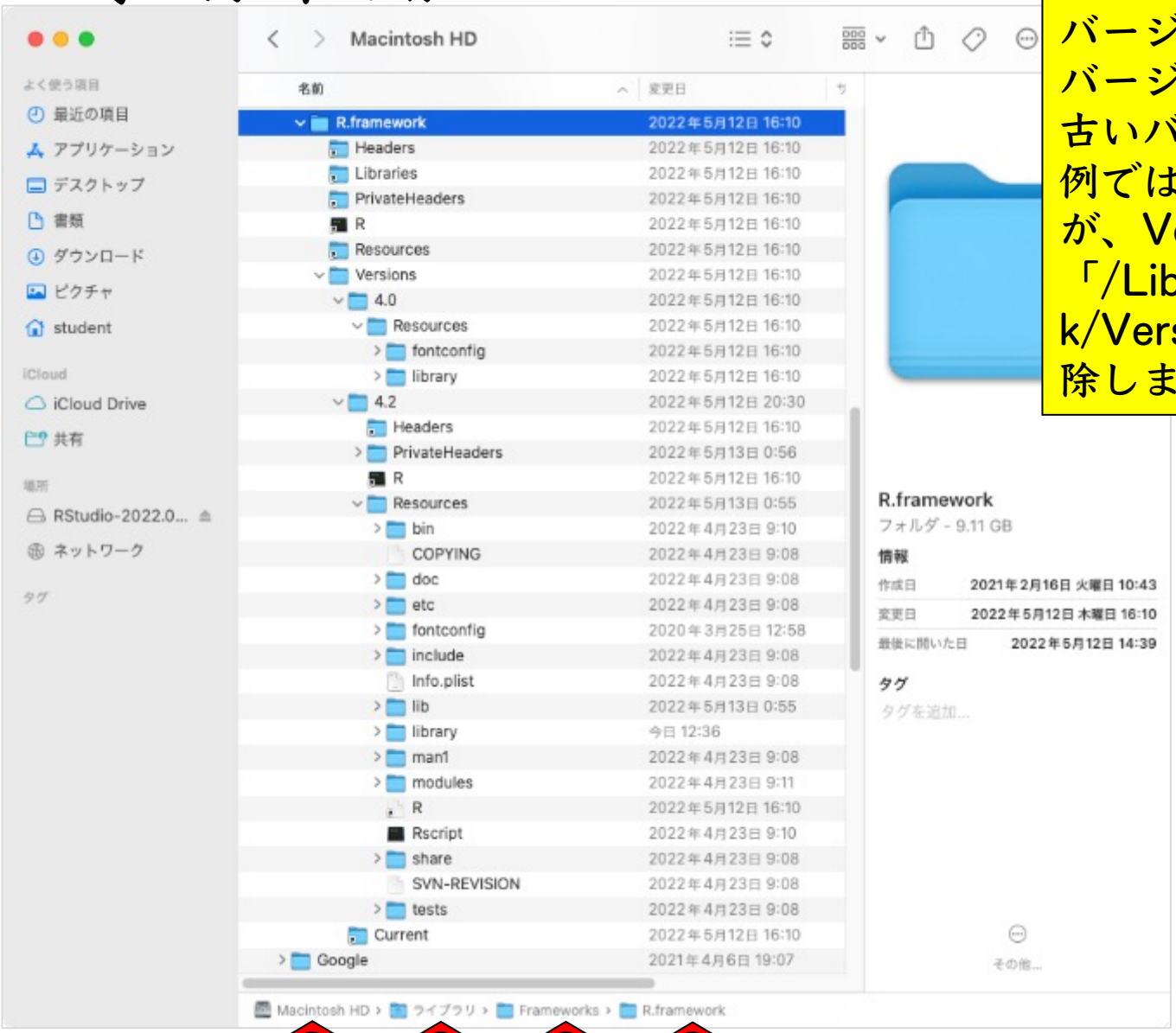
事前準備

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



事前準備

開いた①MacintoshHDの②ライブラリ③Frameworks④R.frameworkの中にパッケージ群はあります。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になります。古いバージョンを削除する場合、この例ではVer.4.0と Ver.4.2がありますが、Ver.4.0を削除したい場合は「/Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.0/」をフォルダごと削除します。

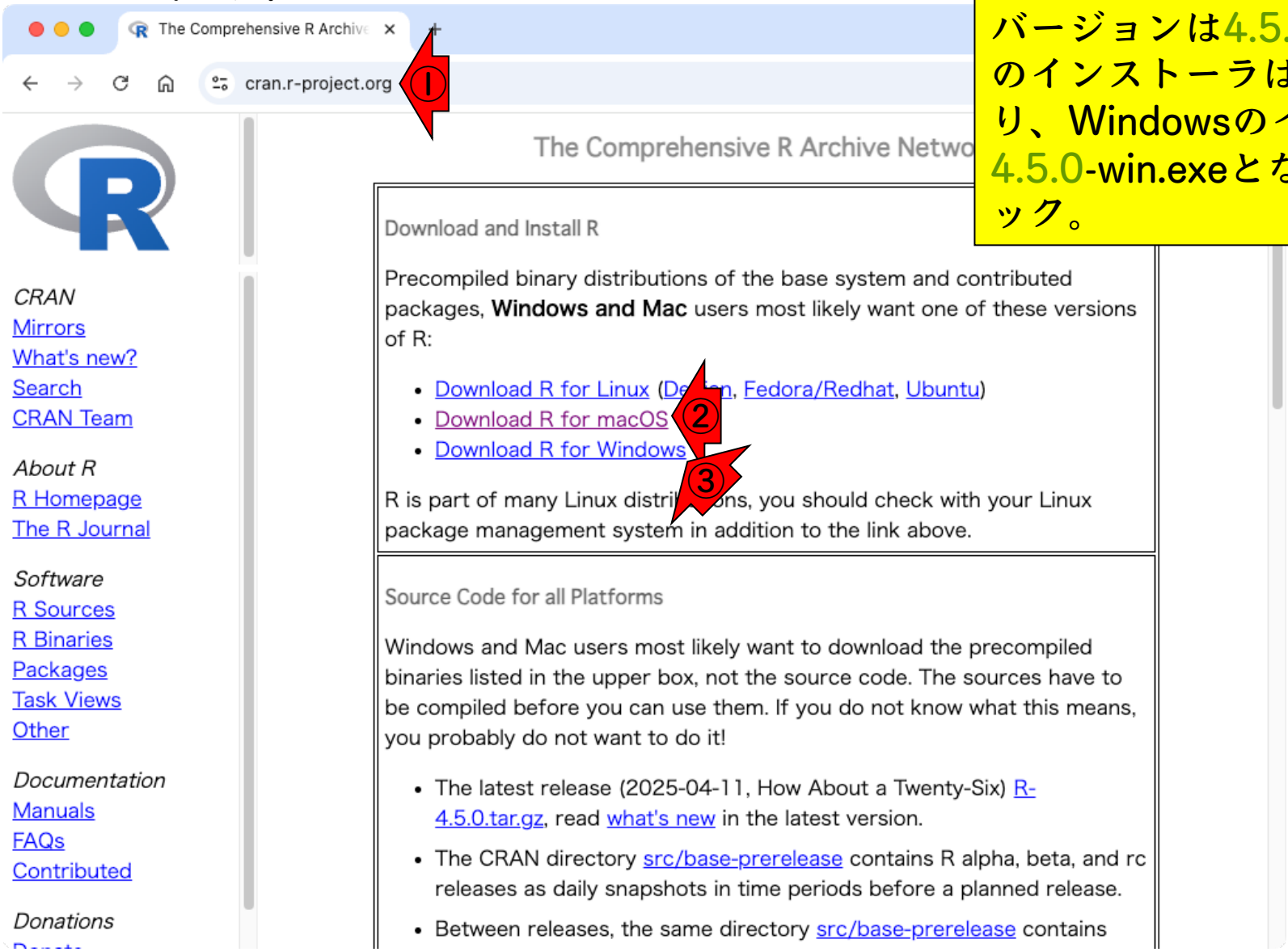


Contents

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

R本体のインストール I

①CRANのページにて、②Download R for macOS。③Windowsユーザはこちら。2025年6月12日現在の最新バージョンは4.5.0。この場合、MacのインストーラはR-4.5.0-*.pkgとなり、Windowsのインストーラは、R-4.5.0-win.exeとなります。②をクリック。



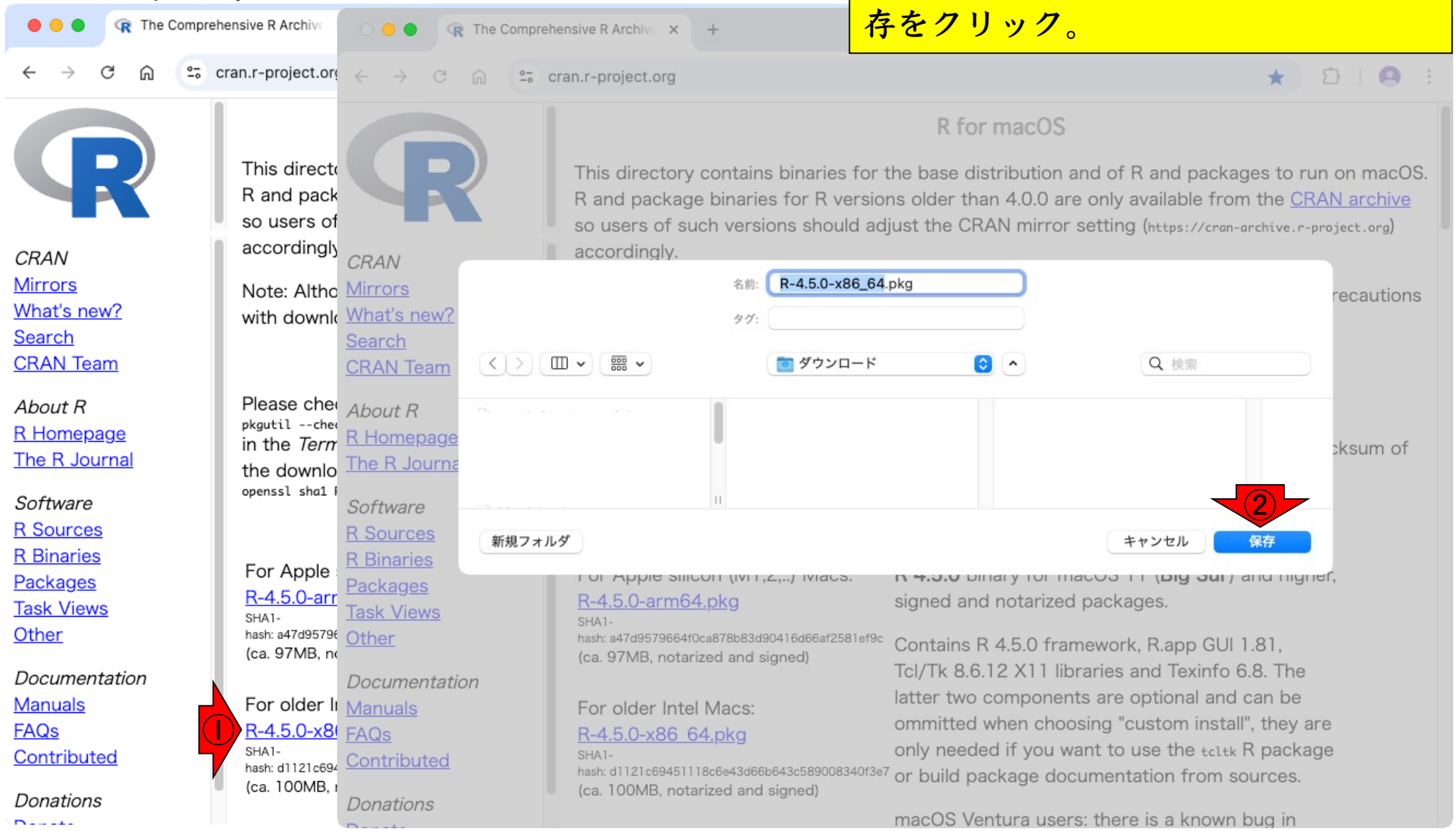
https://cran.r-project.org/

R本体のインストール 2

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

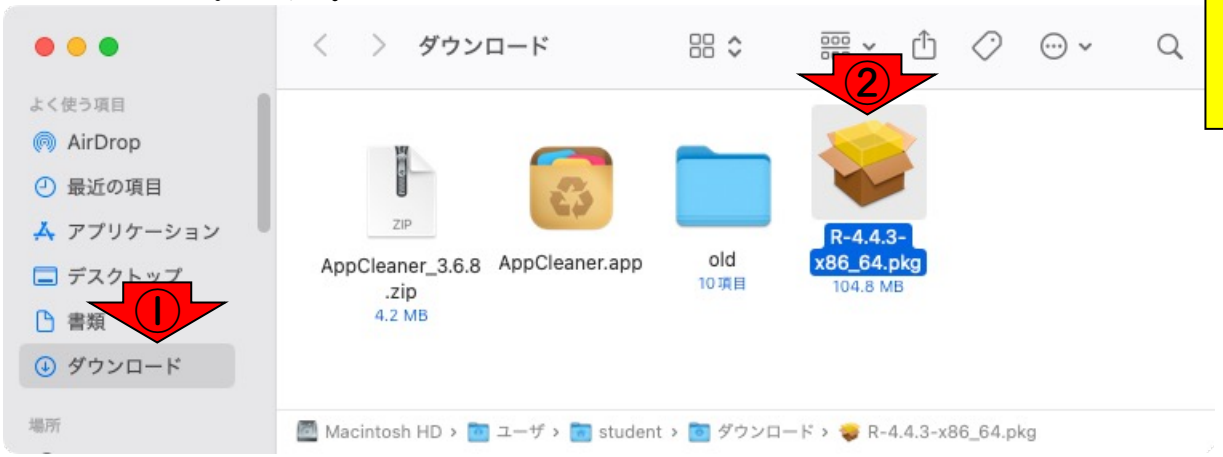
R本体のインストール 3

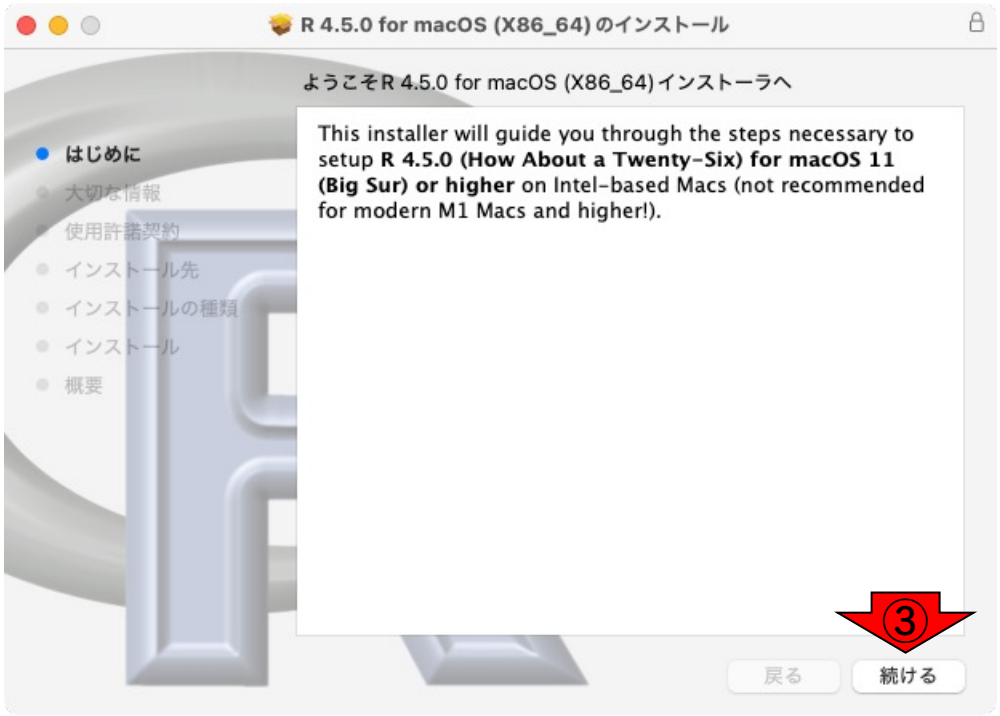
自分のOSに合った方の①R-4.X.Y.pkgをクリックし、 適当な保存場所（ここではダウンロードフォルダ）で②保存をクリック。



R本体のインストール 4

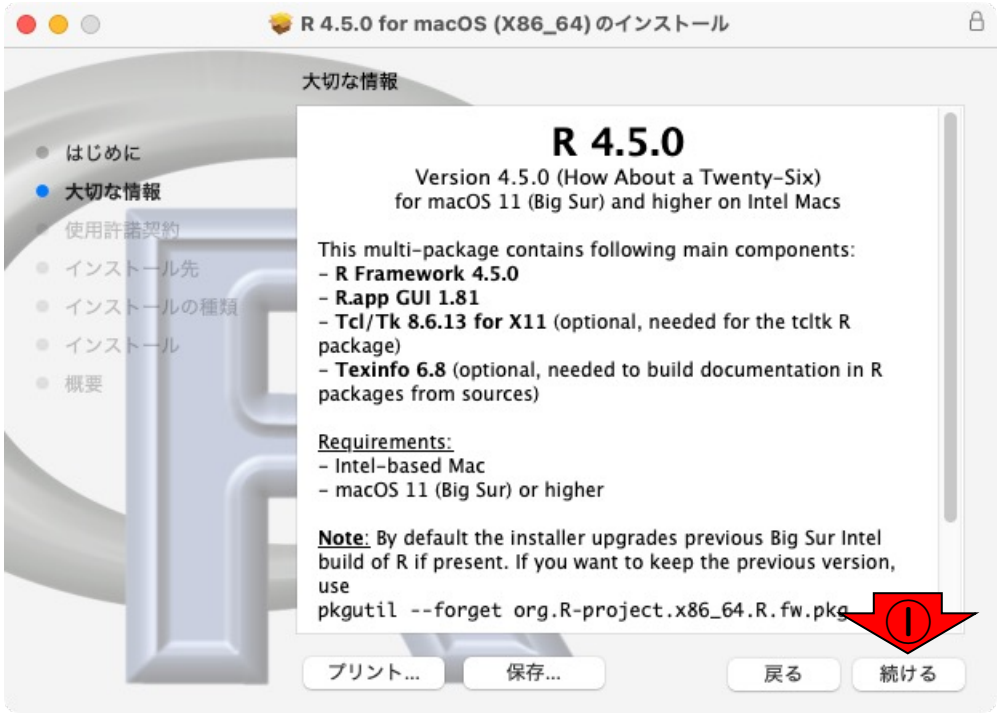
ダウンロードが完了すると、①ダウンロードフォルダに②R-4.X.Y.pkgファイルがあります。これをダブルクリックし、③続けるをクリックして実行します。

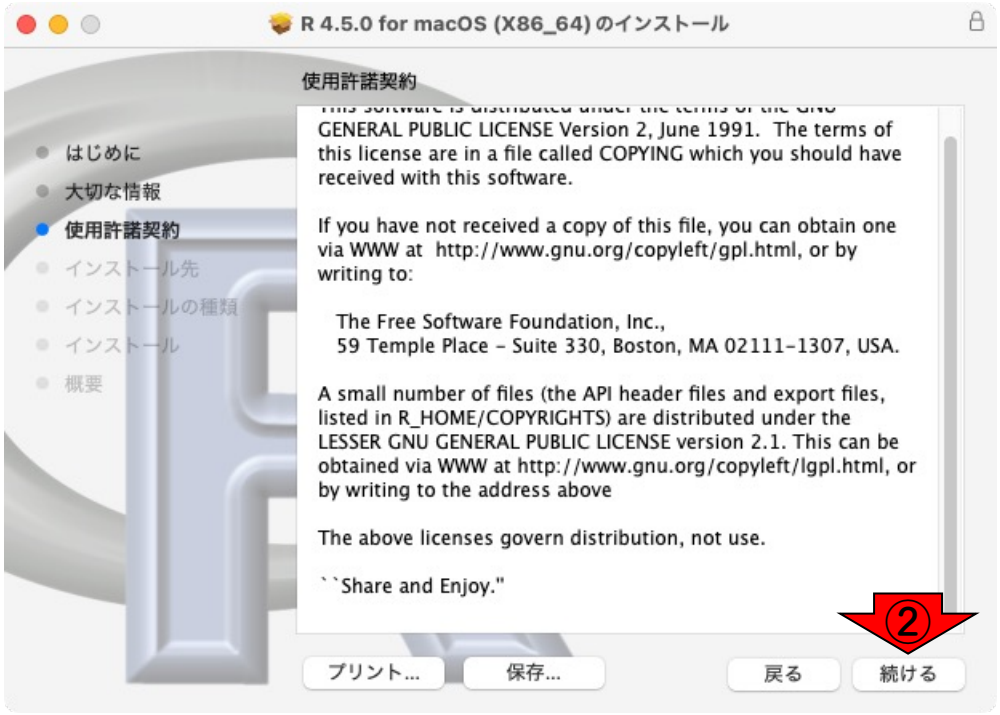




①、②続けるを選択します。

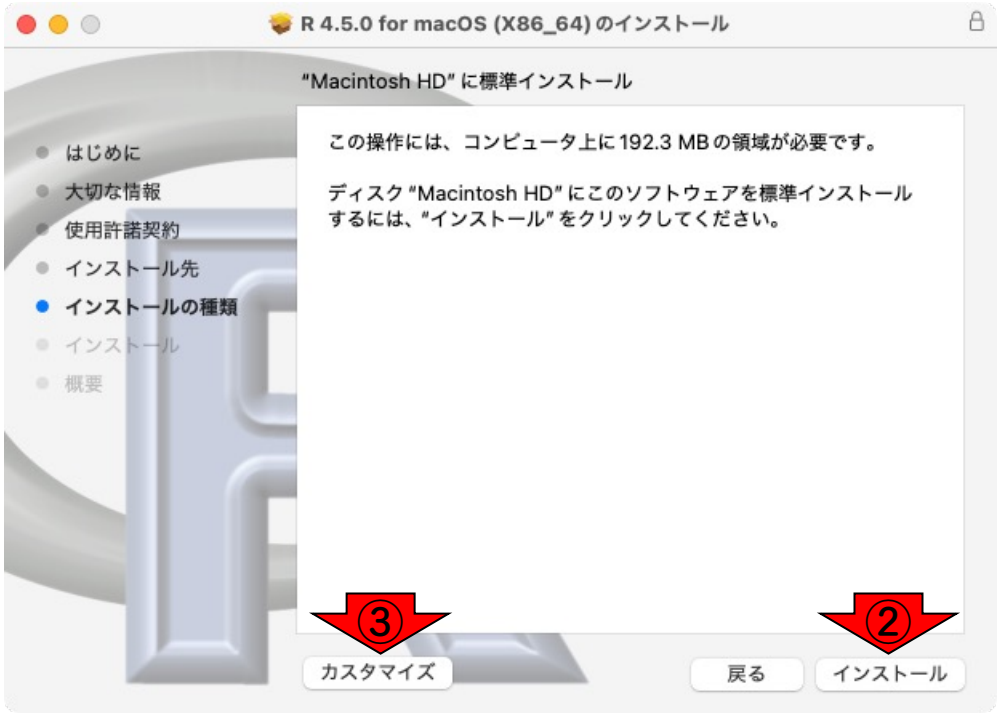
R本体のインストール 5





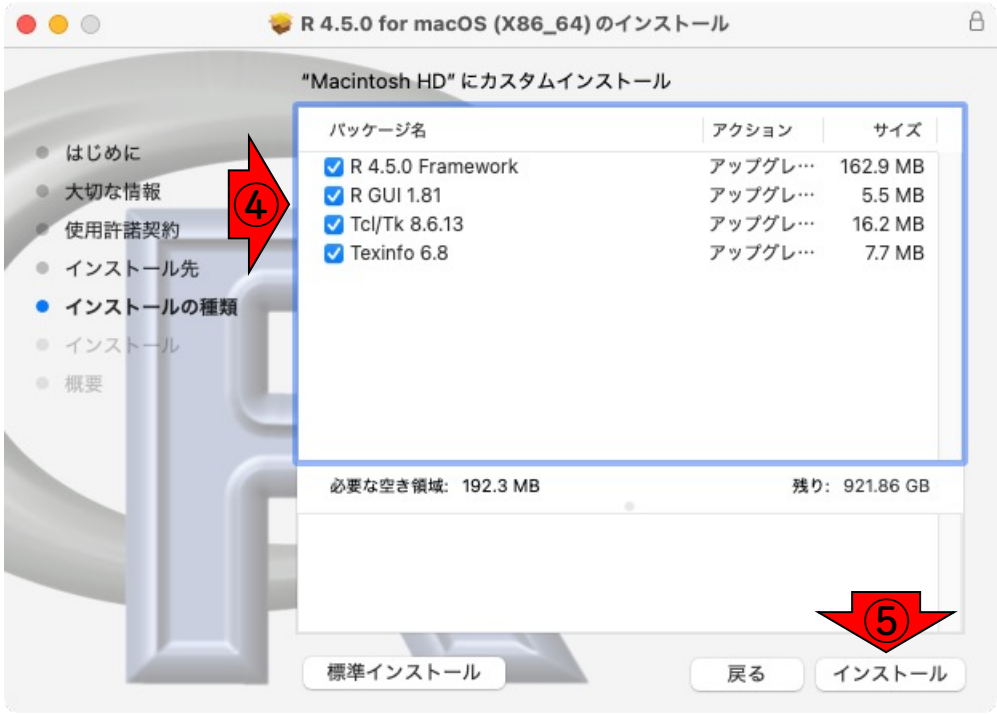
R本体のインストール 6

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



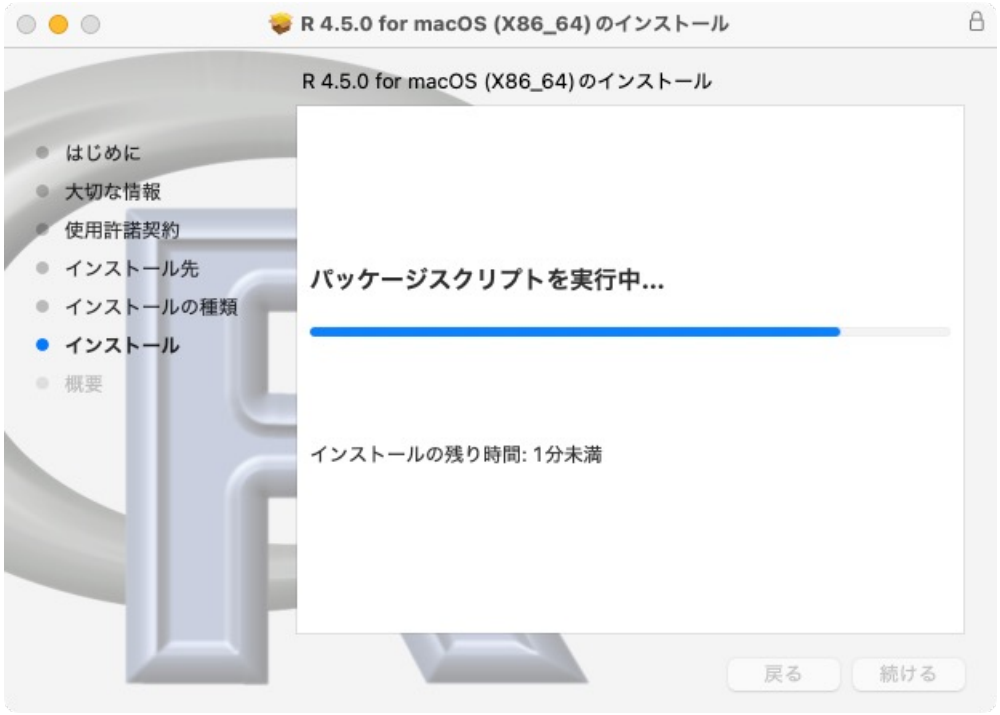
R本体のインストール 7

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



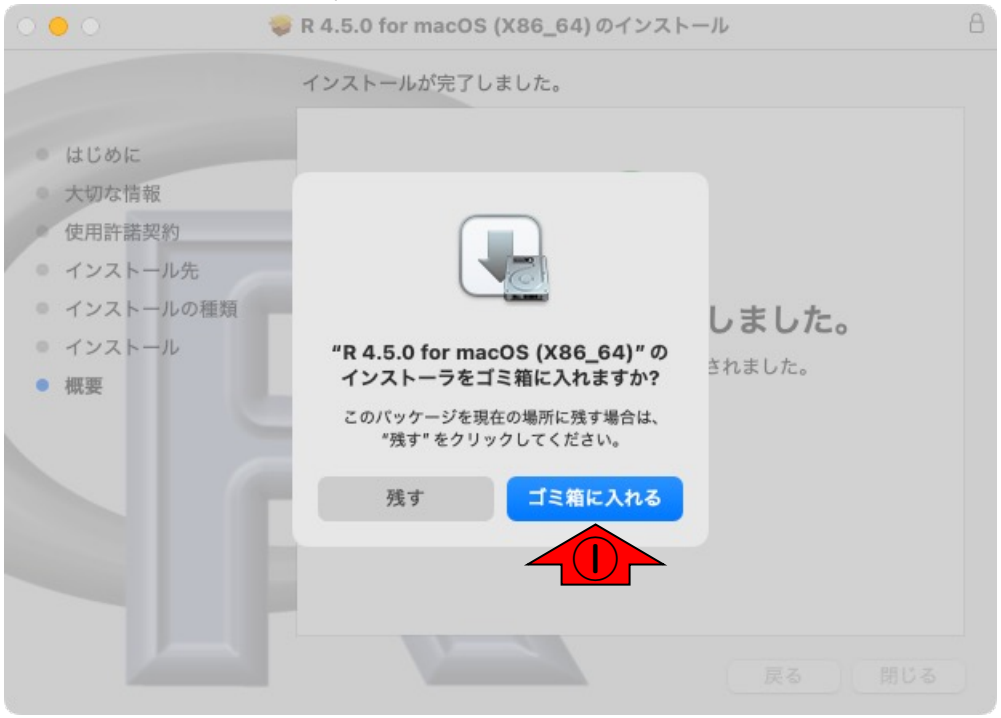
R本体のインストール 8

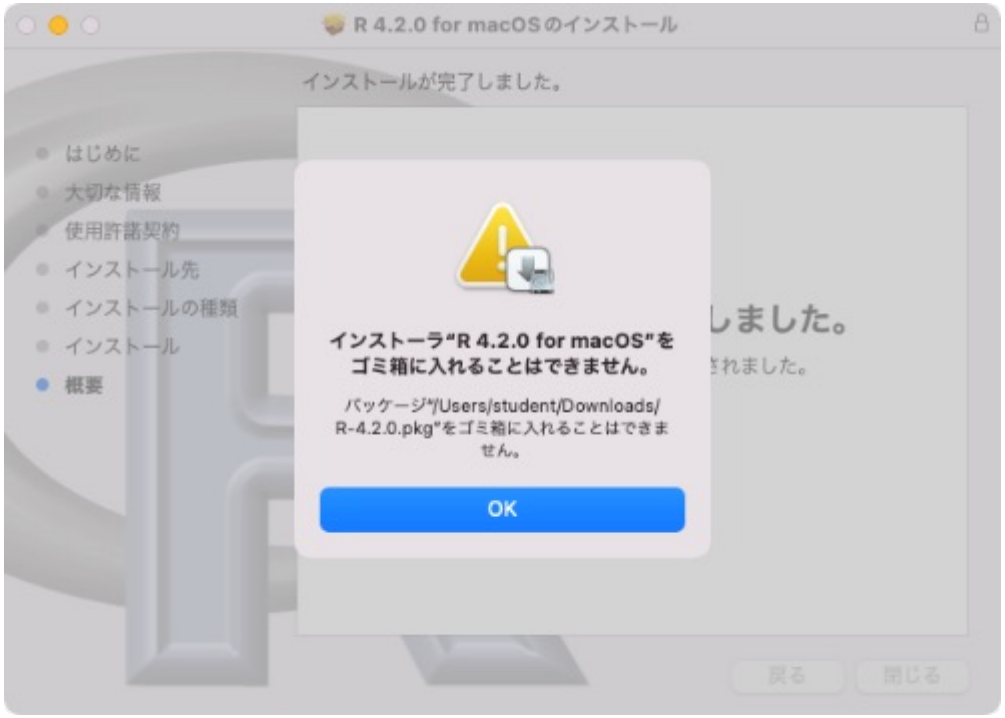
インストールが完了したら、①閉じるをクリックします。



R本体のインストール 9

インストーラを残しておきたい場合を除き、①ゴミ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

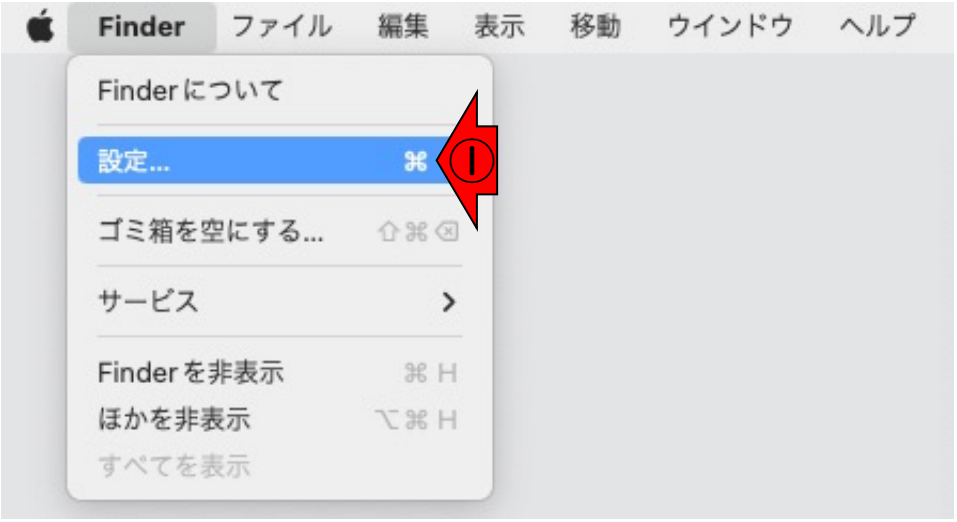
- 事前準備：古いR本体とパッケージ群の削除（任意）
- R本体のインストール
- Mac環境設定（登録されている拡張子も表示する）
- Mac環境設定（隠しファイルも表示する）
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- Rパッケージ
  - CRANのパッケージのインストール
  - Bioconductorのパッケージのインストール
  - .tar.gzファイルのインストール（余力のあるヒト向け）

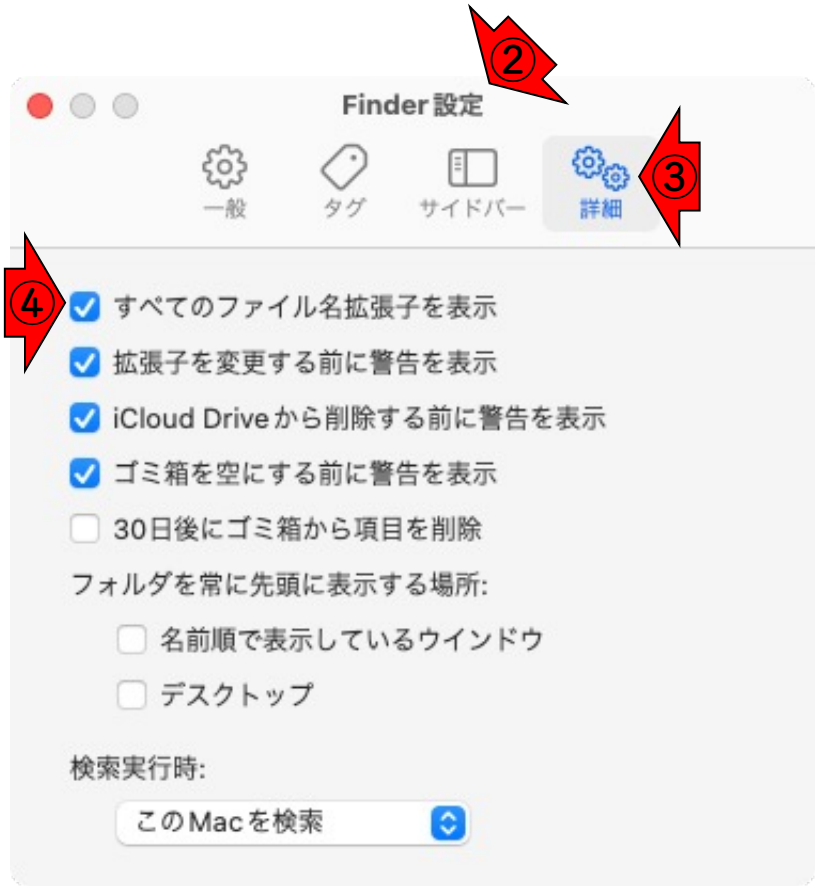
Mac環境設定 I

①ファイルの拡張子を明示させる作業です。

Mac環境設定 2

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





Contents

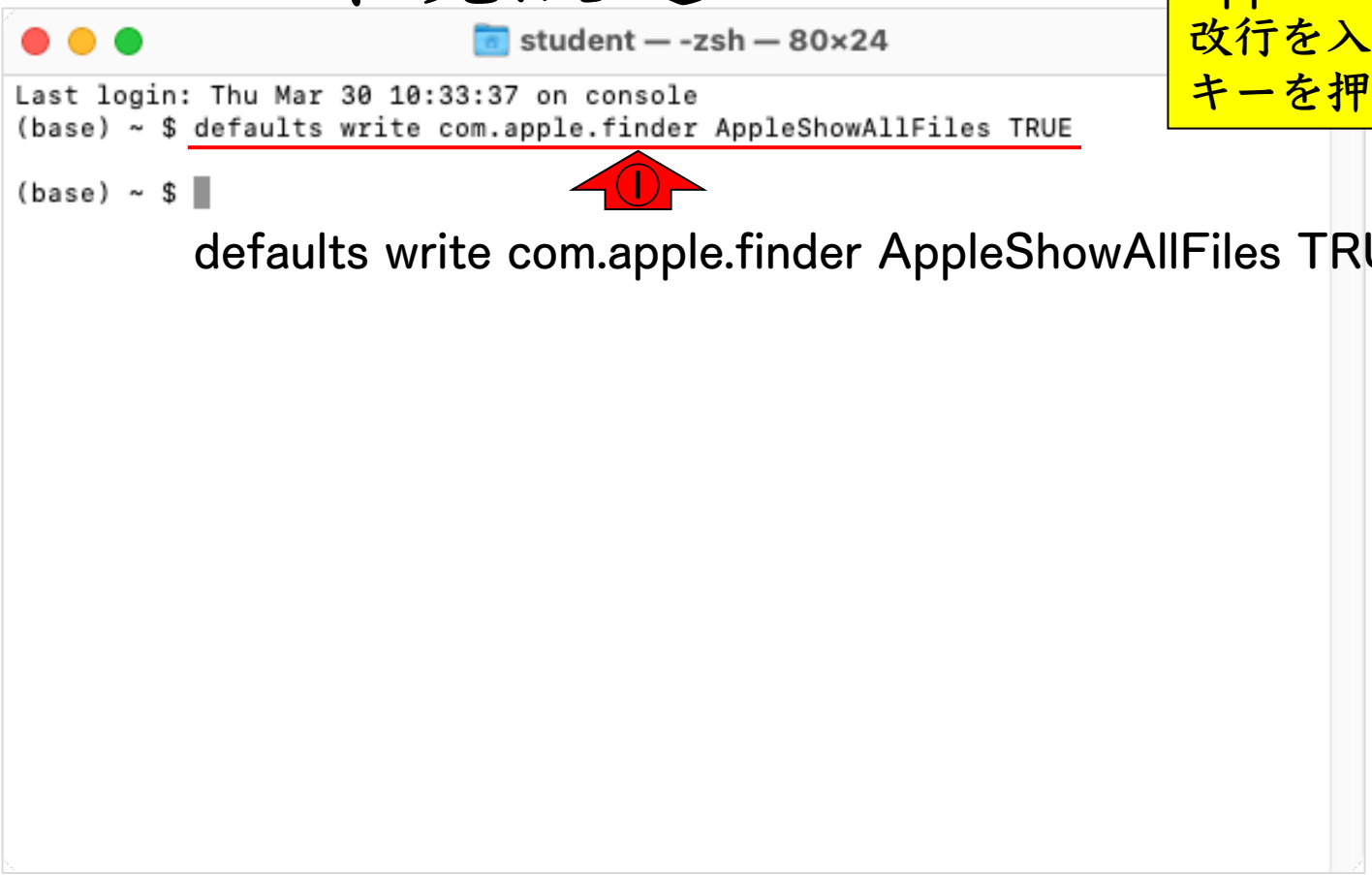
- 事前準備：古いR本体とパッケージ群の削除（任意）
- R本体のインストール
- Mac環境設定（登録されている拡張子も表示する）
- Mac環境設定（隠しファイルも表示する）
- RStudioのインストール
- RStudioの起動と終了
- Rパッケージ
  - CRANのパッケージのインストール
  - Bioconductorのパッケージのインストール
  - .tar.gzファイルのインストール（余力のあるヒト向け）

Mac環境設定 3

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

Mac環境設定 4

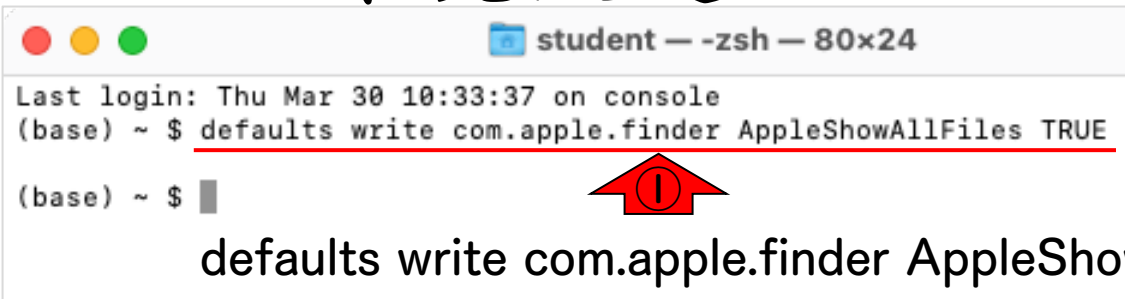
ターミナルが起動したら、①defaults write com.apple.finder AppleShowAllFiles TRUEと（途中で改行を入れずに）入力して、リターンキーを押します。



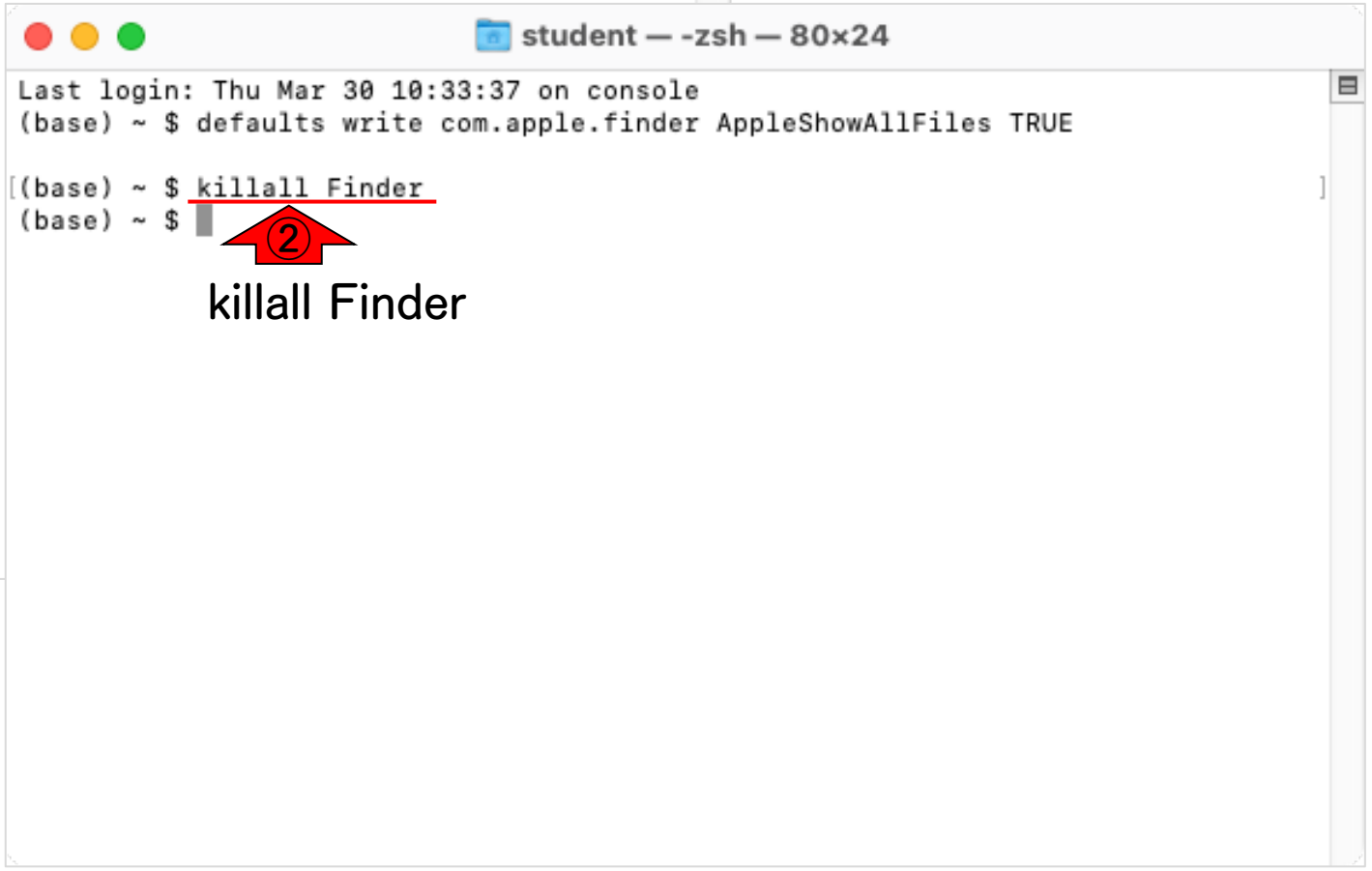
defaults write com.apple.finder AppleShowAllFiles TRUE

Mac環境設定 5

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。

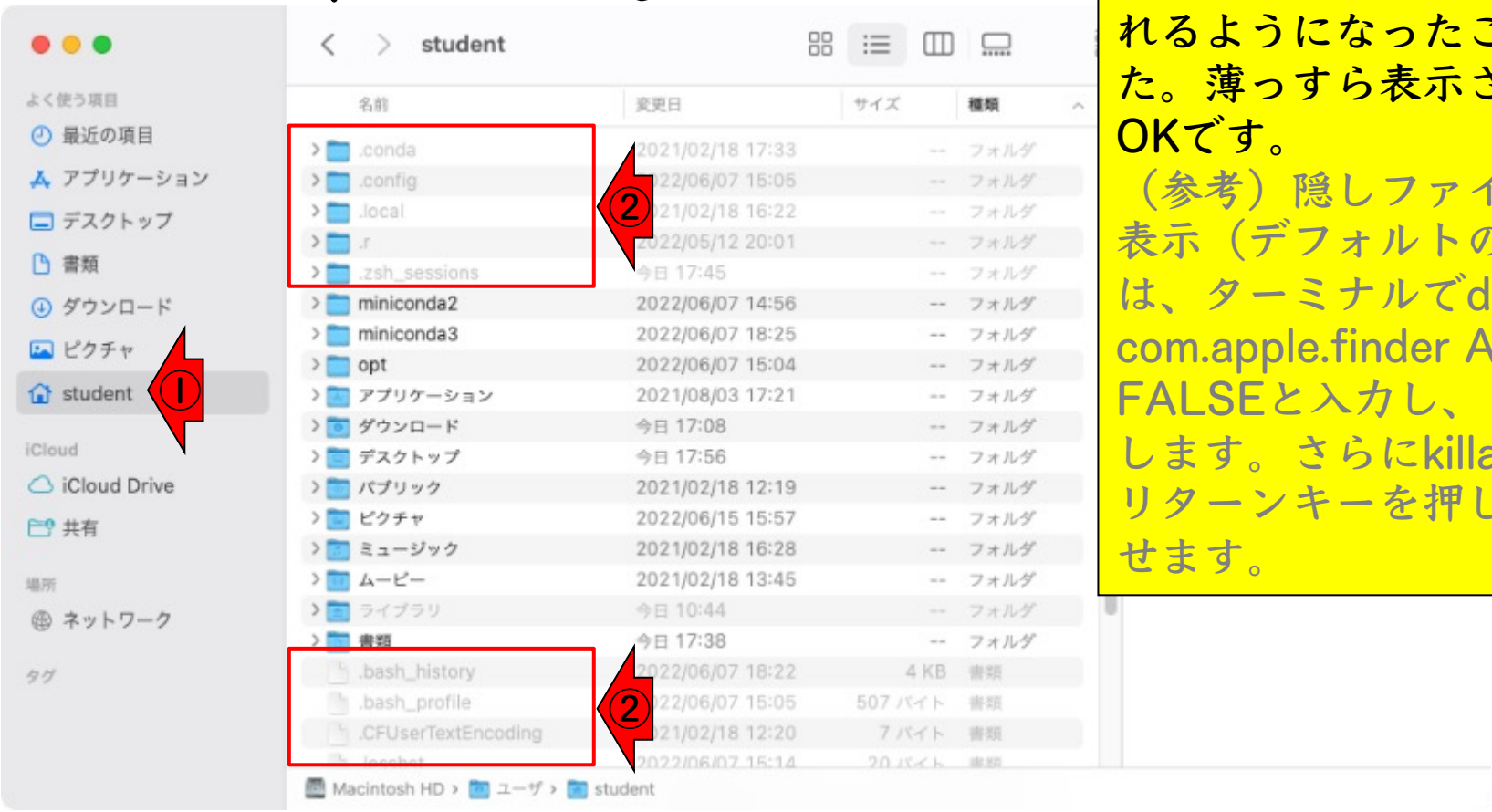


defaults write com.apple.finder AppleShowAllFiles TRUE



killall Finder

Mac環境設定 6



①ホームディレクトリを開くと、②ピリオド（.）で始まる隠しファイル（や隠しフォルダ）が薄っすら表示されるようになったことが確認できました。薄っすら表示されている状態でOKです。

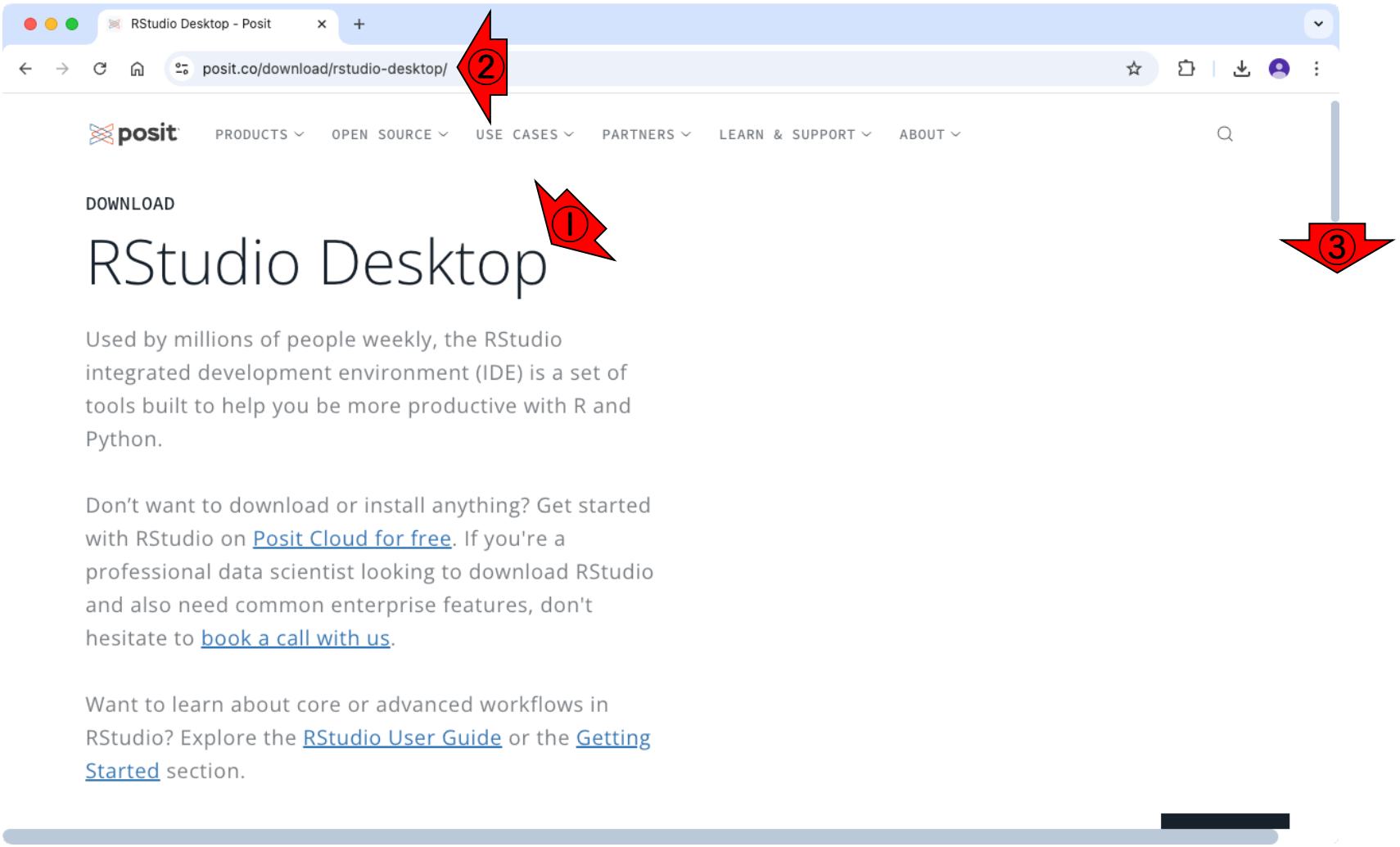
（参考）隠しファイル・フォルダを非表示（デフォルトの設定）に戻す場合は、ターミナルでdefaults write com.apple.finder AppleShowAllFiles FALSEと入力し、リターンキーを押します。さらにkillall Finderと入力・リターンキーを押して、設定を反映させます。

Contents

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

RStudioインストール I

①RStudioの②ダウンロードサイト。
③少しページ下部に移動。

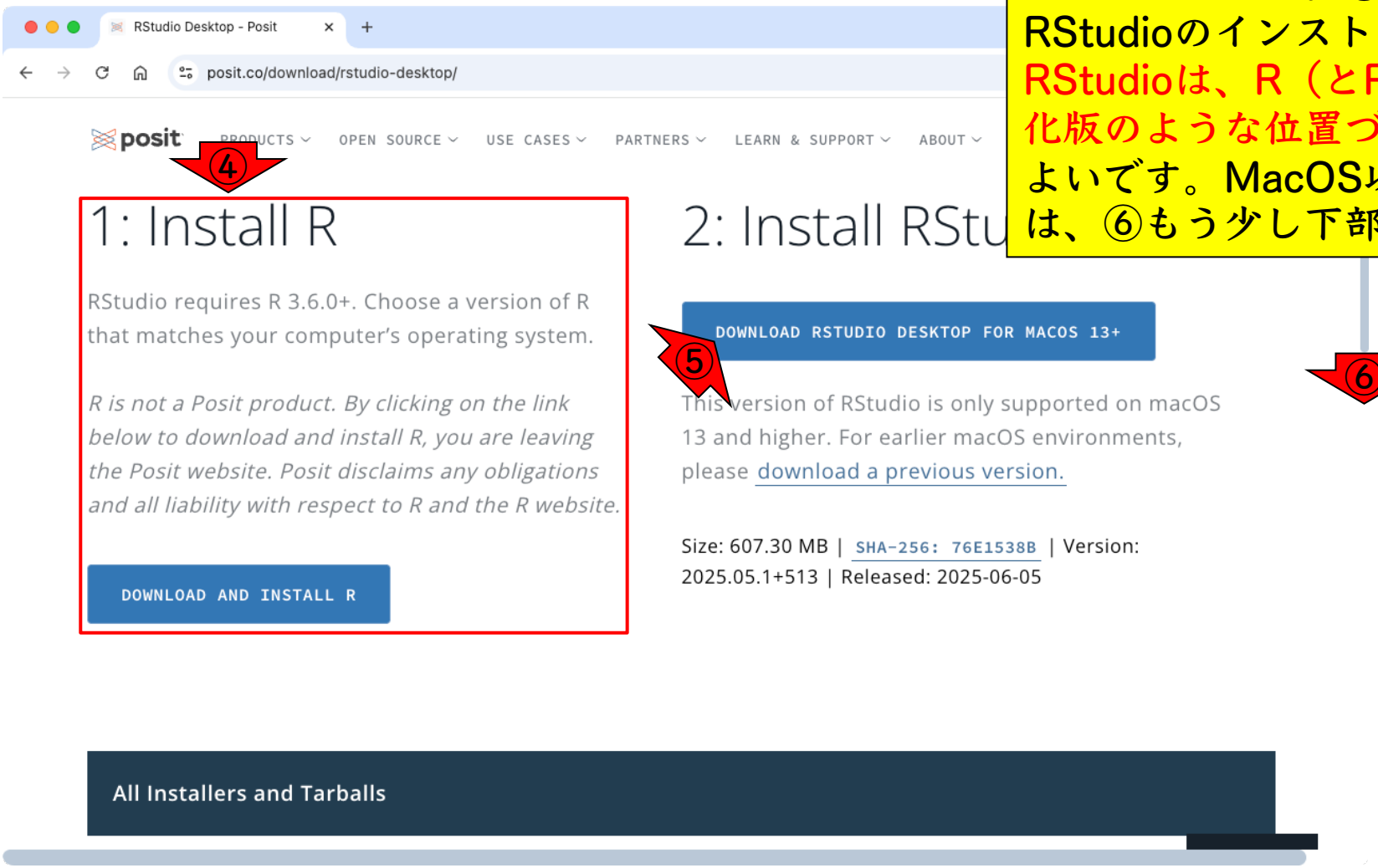


②

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

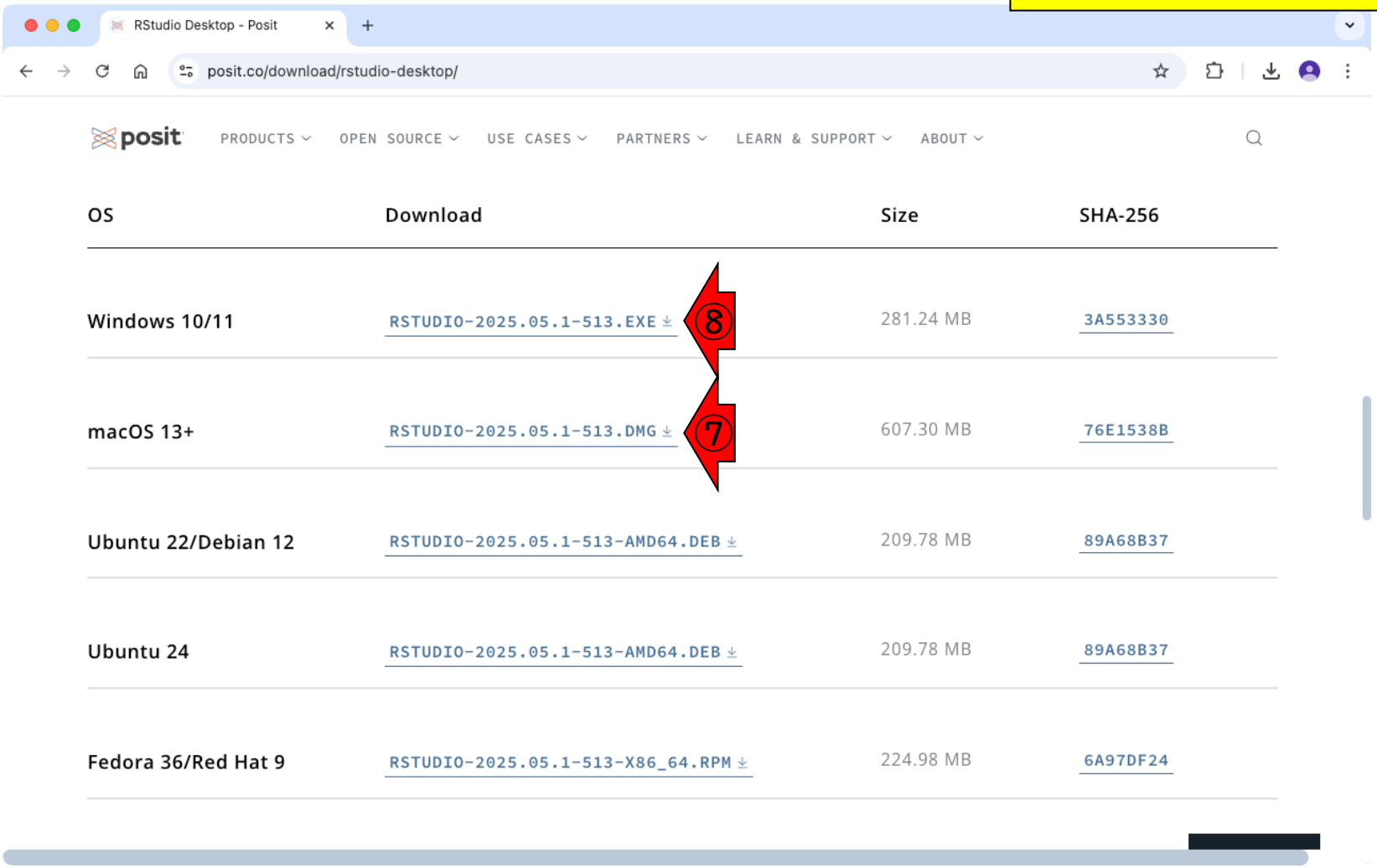
RStudioインストール 2

①RStudioの②ダウンロードサイト。③少しページ下部に移動。④の作業は完了しています。⑤をクリックすればRStudioのインストールに進みます。RStudioは、R（とPython）のGUI強化版のような位置づけだという理解でよいです。MacOS以外のOS用のものは、⑥もう少し下部にあります。



RStudioインストール 3

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

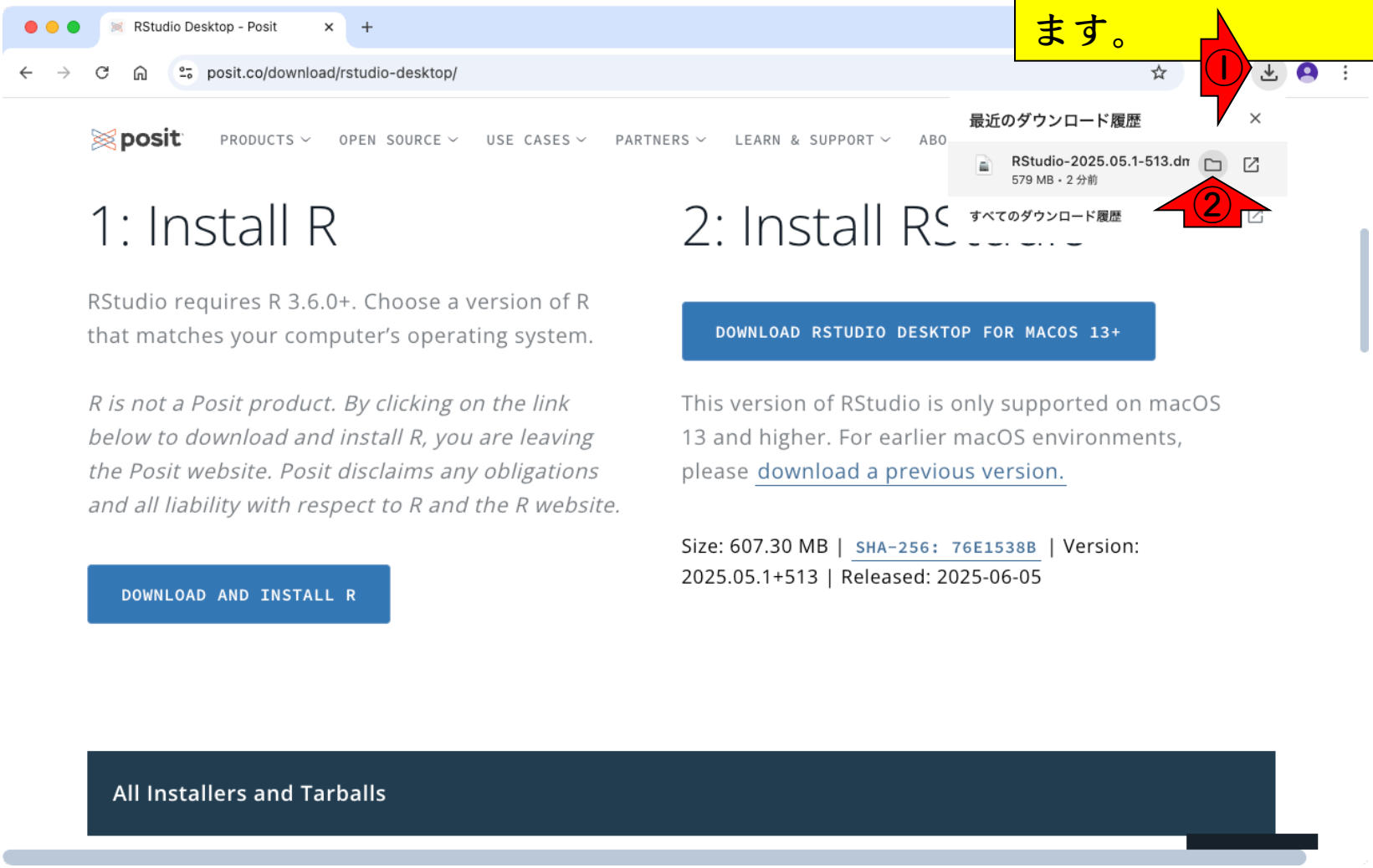


RStudioインストール 4

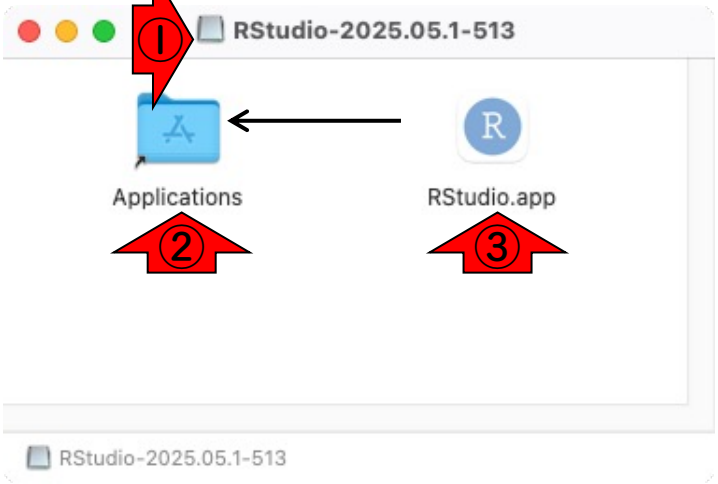
リンクをクリックしたら、適当なダウンロード先を指定します。ここではダウンロードフォルダです。①保存をクリック。

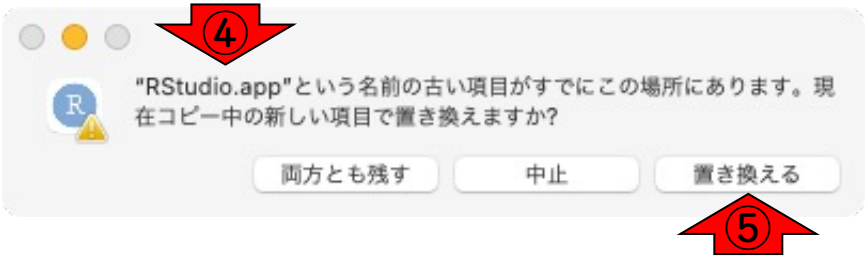
RStudioインストール 5

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



RStudioインストール 6

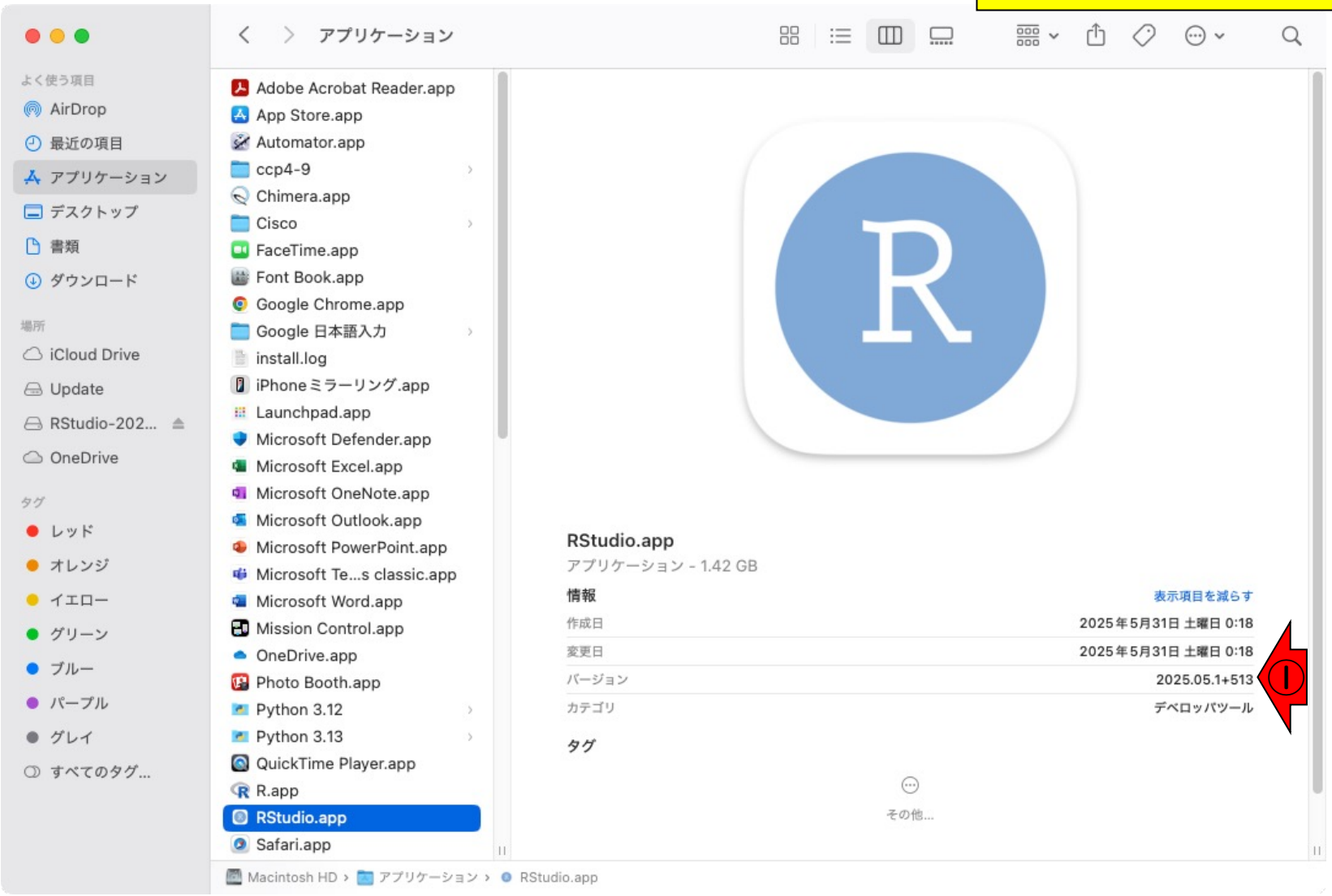




dmgファイルが展開されると、デスクトップに①RStudio-2025.05.1-513フォルダができ、この中に②Applicationsフォルダへのショートカットと③RStudio本体ができています。 ③RStudio.appアイコンを②Applicationsフォルダにドラッグし、アプリケーションフォルダのユーティリティにコピーします。既に別のRStudioがある場合、④のようにメッセージが表示されるので、⑤置き換えるを選択します。
デスクトップのRStudio-2025.05.1-513フォルダは削除して構いません。

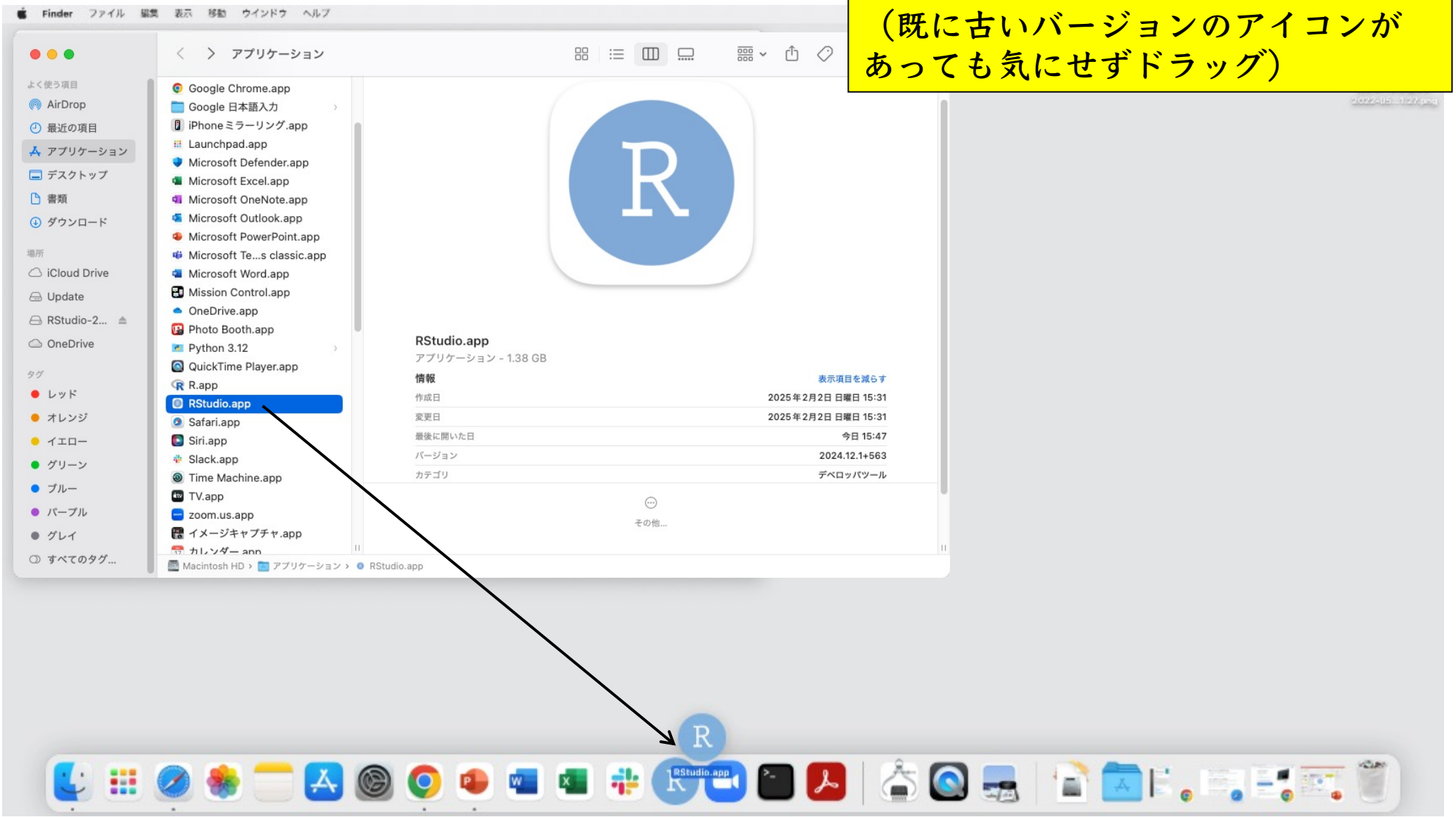
RStudioインストール 7

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



RStudioインストール 8

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

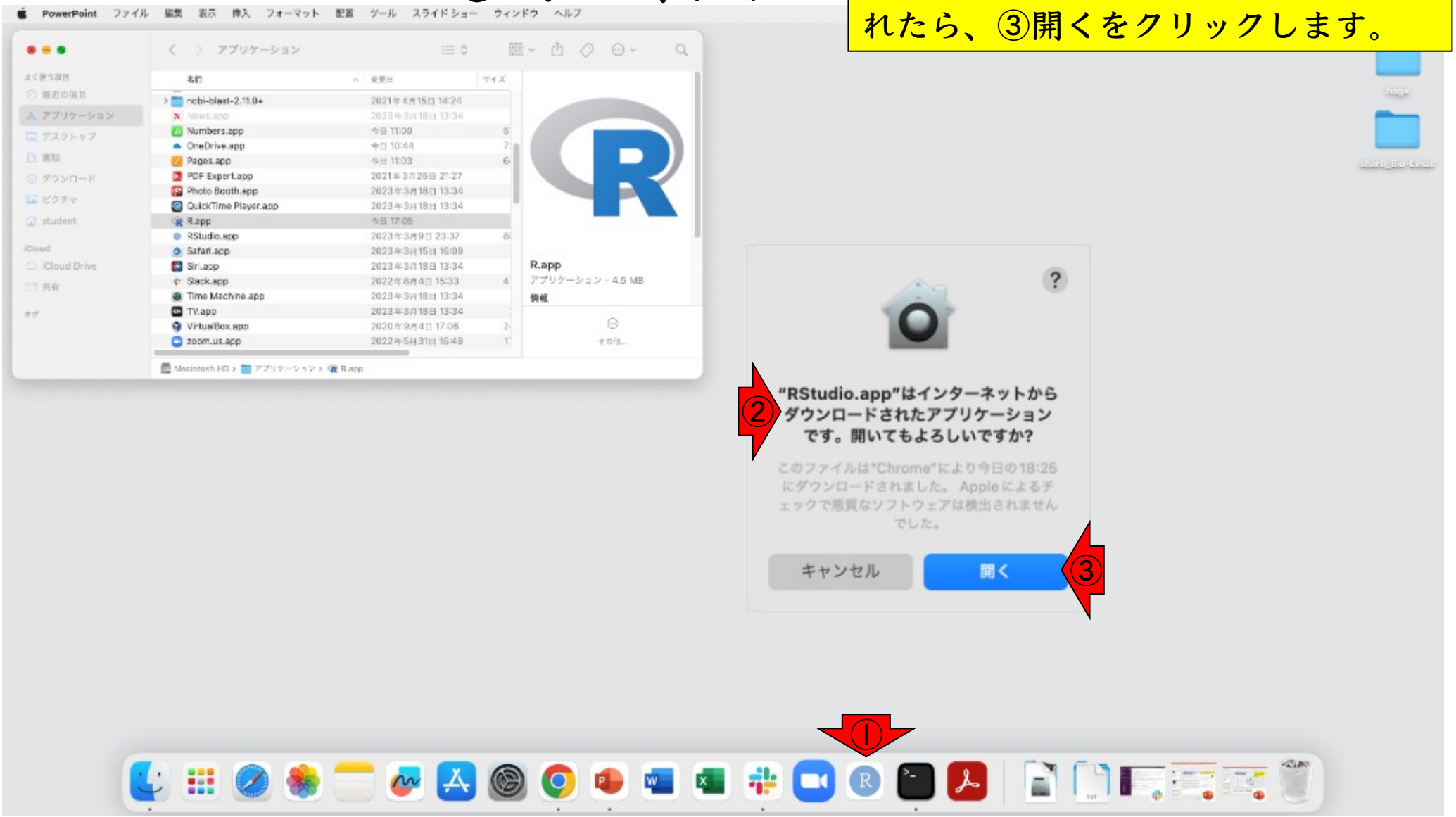


Contents

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

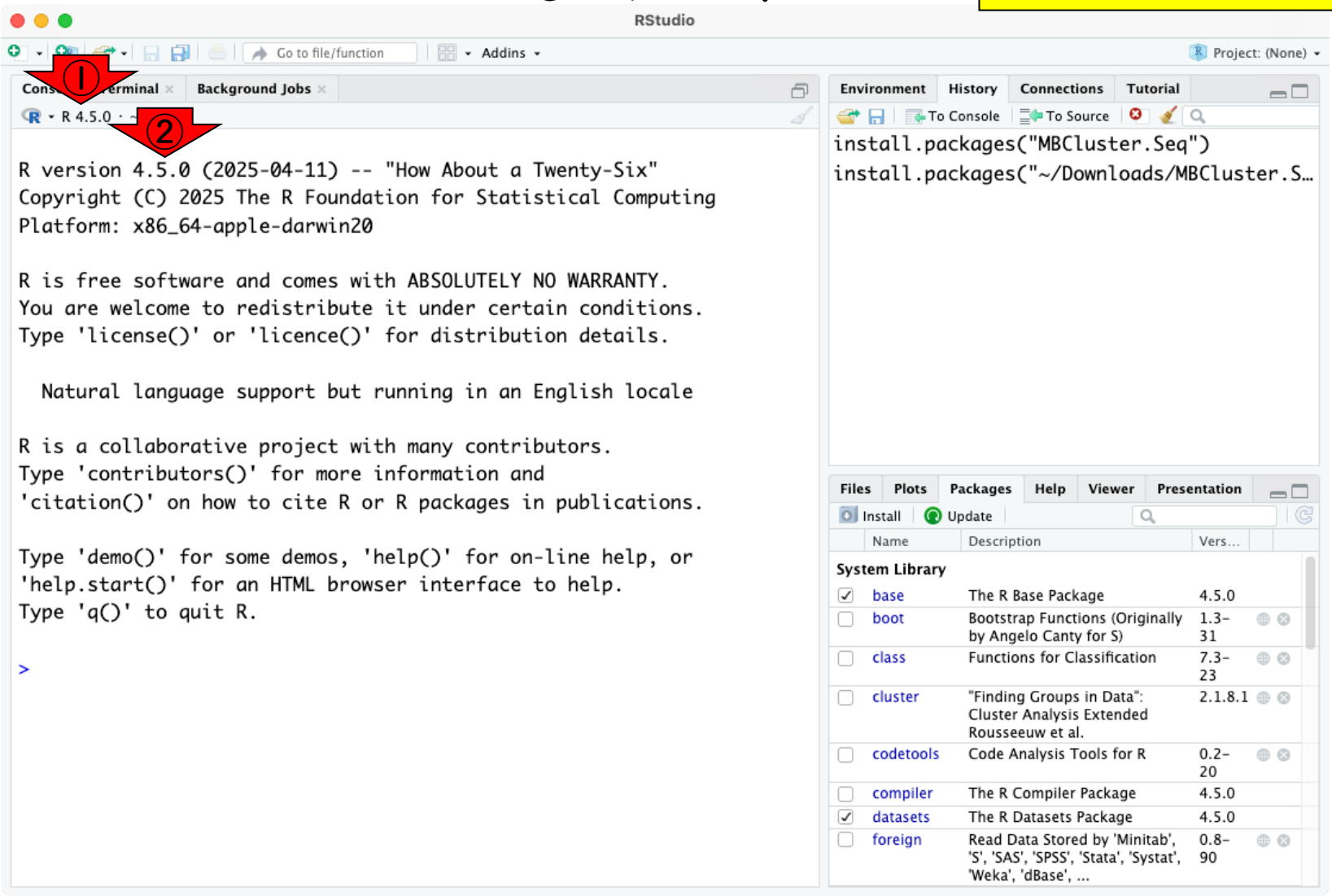
RStudioの起動と終了 I

①DockのRStudioアイコンをクリックし、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たら、③開くをクリックします。



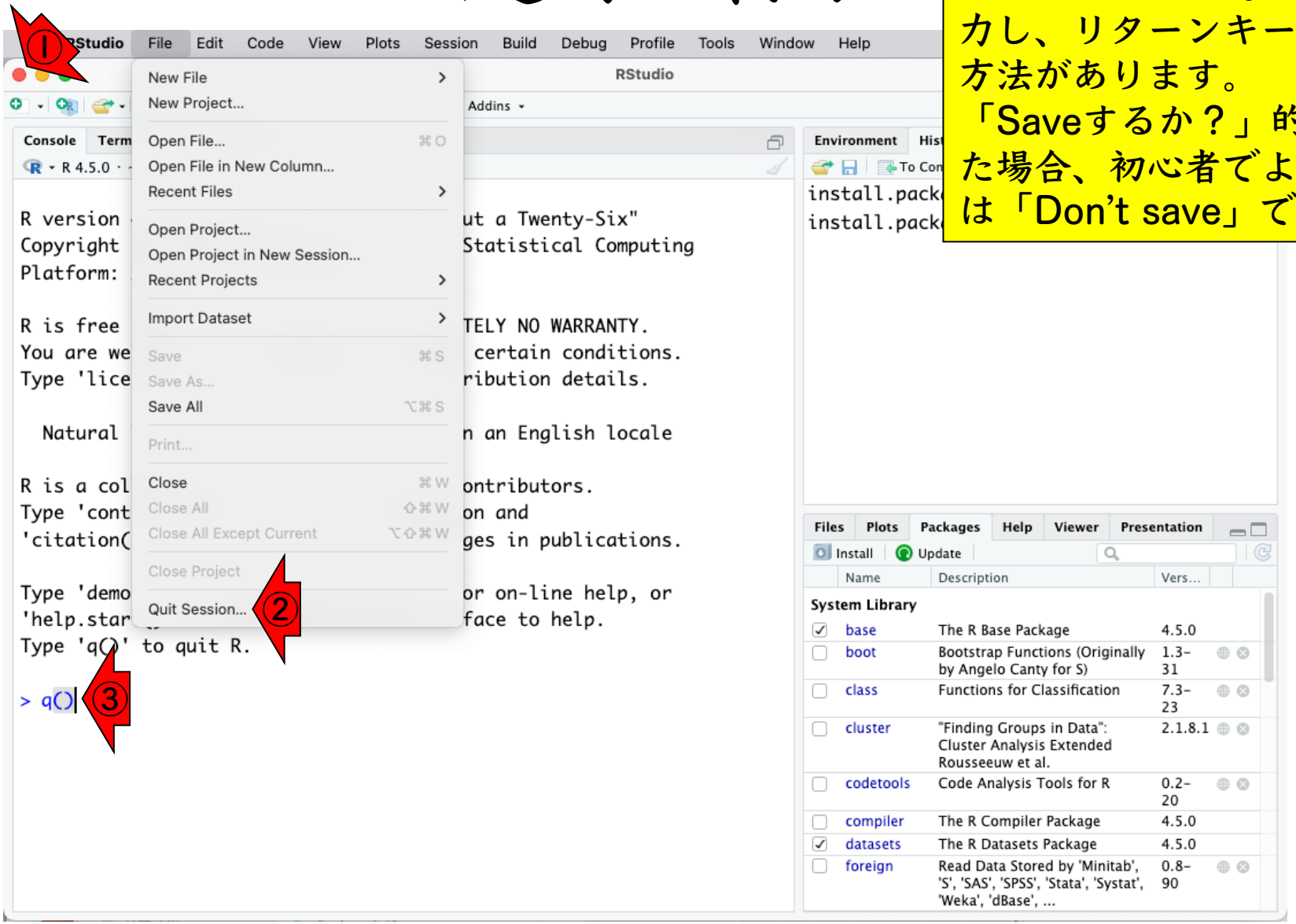
RStudioの起動と終了 2

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



RStudioの起動と終了 3

RStudioを終了するには①×をクリックする、②RStudio Fileメニューから Quit Sessionを選択する、③q()と入力し、リターンキーを押す、といった方法があります。
「Saveするか？」的なことを聞かれた場合、初心者でよくわからないうちは「Don't save」で構いません。



Contents

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

Rパッケージ I

- Mac　⇔　ソフトウェア
  - ソフトウェアは予めインストールしておく
  - 利用したいときにダブルクリックで起動

- RStudio(R含む)　⇔　パッケージ
  - パッケージは予めインストールしておく
  - 利用したいときにRStudio上でロード

Macを購入しただけではほとんど何もできないため、通常我々は様々なソフトウェアをMacにインストールしておき、使用時のみ起動して利用します。
それと同様に、RとRStudioをインストールしただけでは、できることが限られています。そのため、世の中に数万以上存在するRパッケージの中から、利用する可能性のあるパッケージをRStudio上にインストールしておき、利用したいときに当該パッケージをロードして利用します。

Rパッケージ２

- Mac　⇔　ソフトウェア
  - ソフトウェアは予めインストールしておく
  - 利用したいときにダブルクリックで起動
- RStudio(R含む)　⇔　パッケージ
  - パッケージは予めインストールしておく
  - 利用したいときにRStudio上でロード
- Rパッケージのリポジトリ（提供元）
  - CRAN
    （https://cran.r-project.org/）
  - Bioconductor
    （https://www.bioconductor.org/）

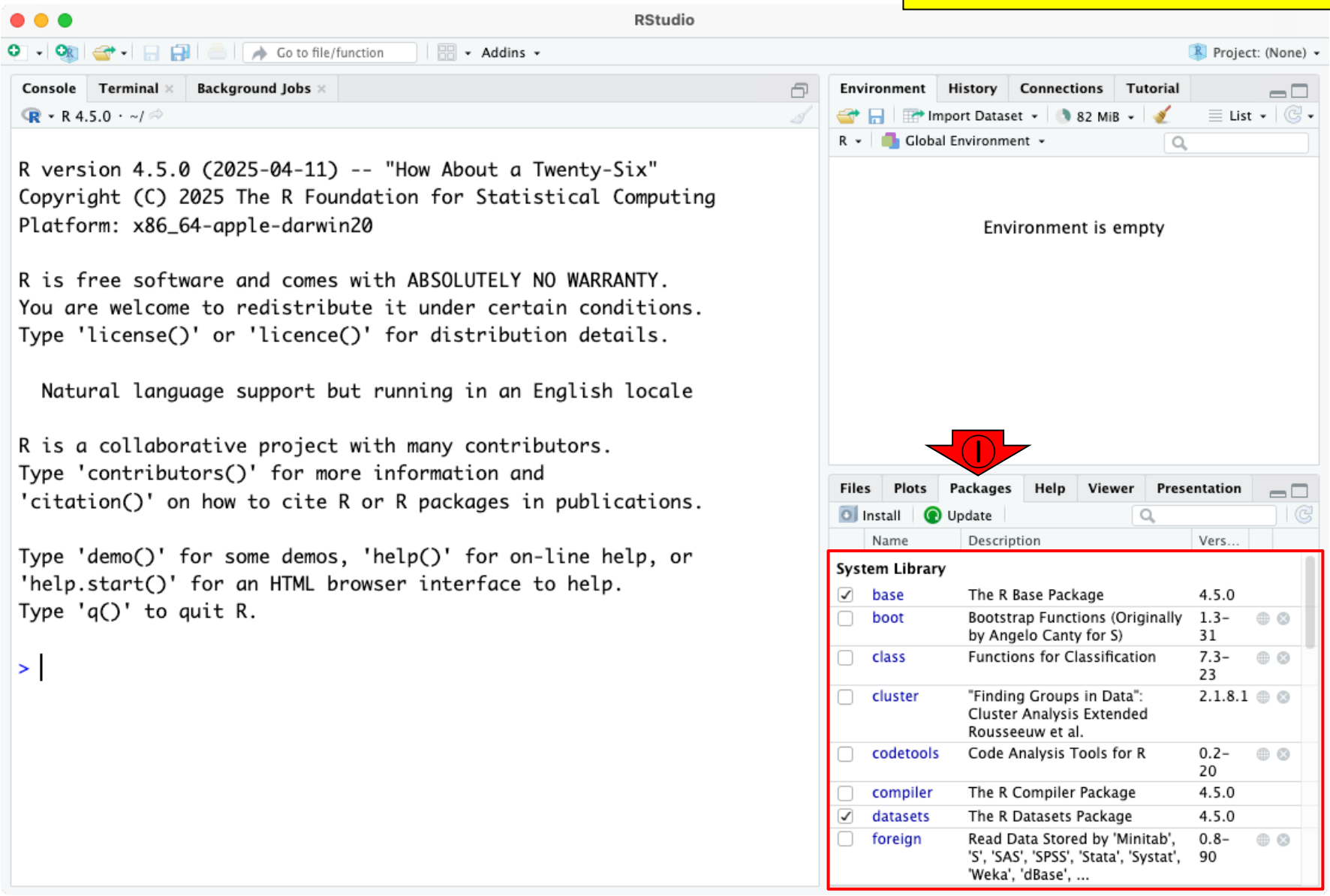
パッケージ提供元として最も包括的なのはCRAN、生命科学系に特化したものがBioconductorという位置づけになります。したがって、特にパッケージ提供元を明示せずに「xxxというパッケージを利用しますのでインストールしておいて下さい。」といった指示があった場合、まず最初に試すのは、CRAN上で提供されていることを想定したやり方になります。本来は統一的なやり方など、いろいろあるのですが、ここでは初心者にとってやりやすいと思われる手段を解説します。

Contents

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

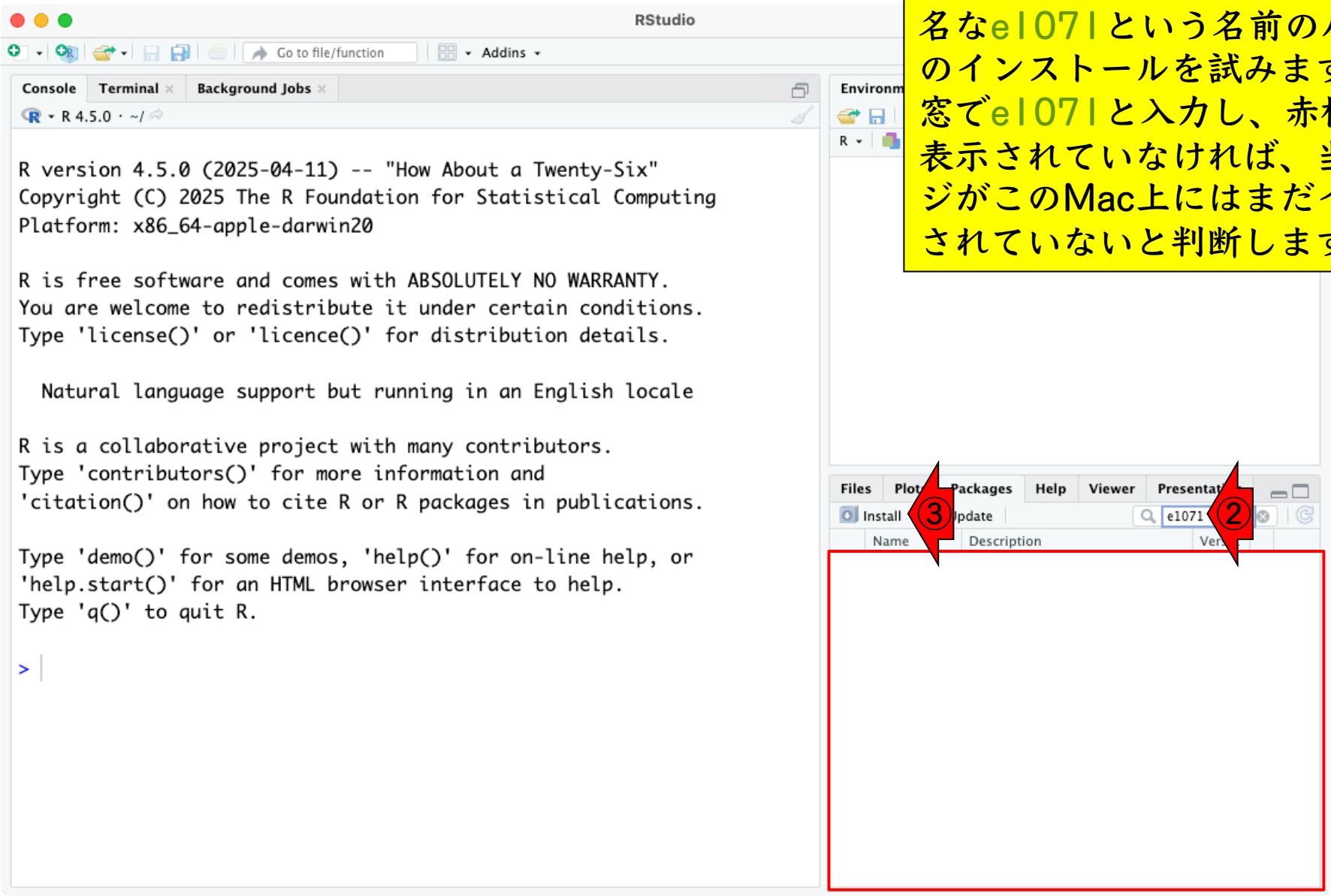
CRANのパッケージ Ⅰ

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



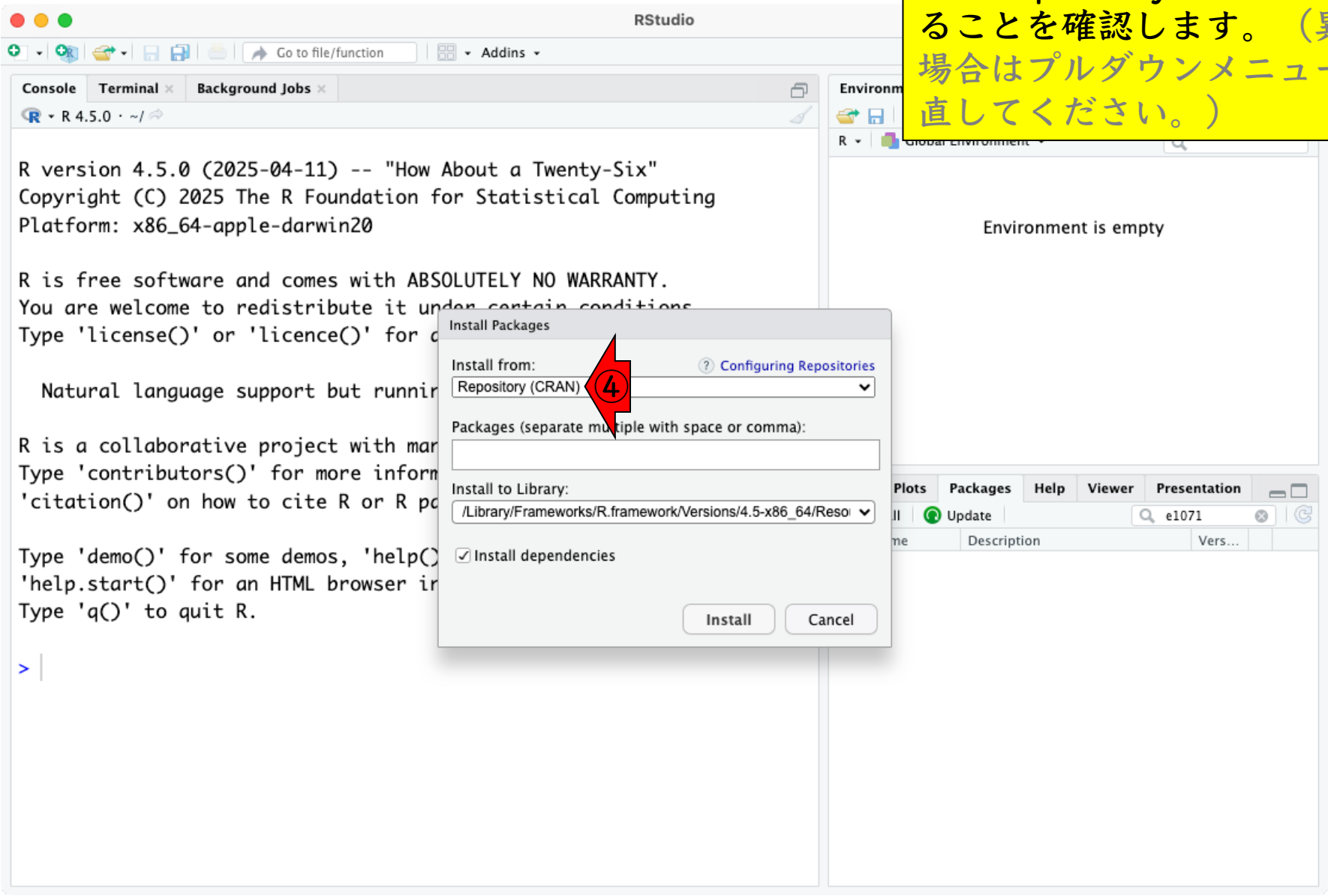
CRANのパッケージ 2

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



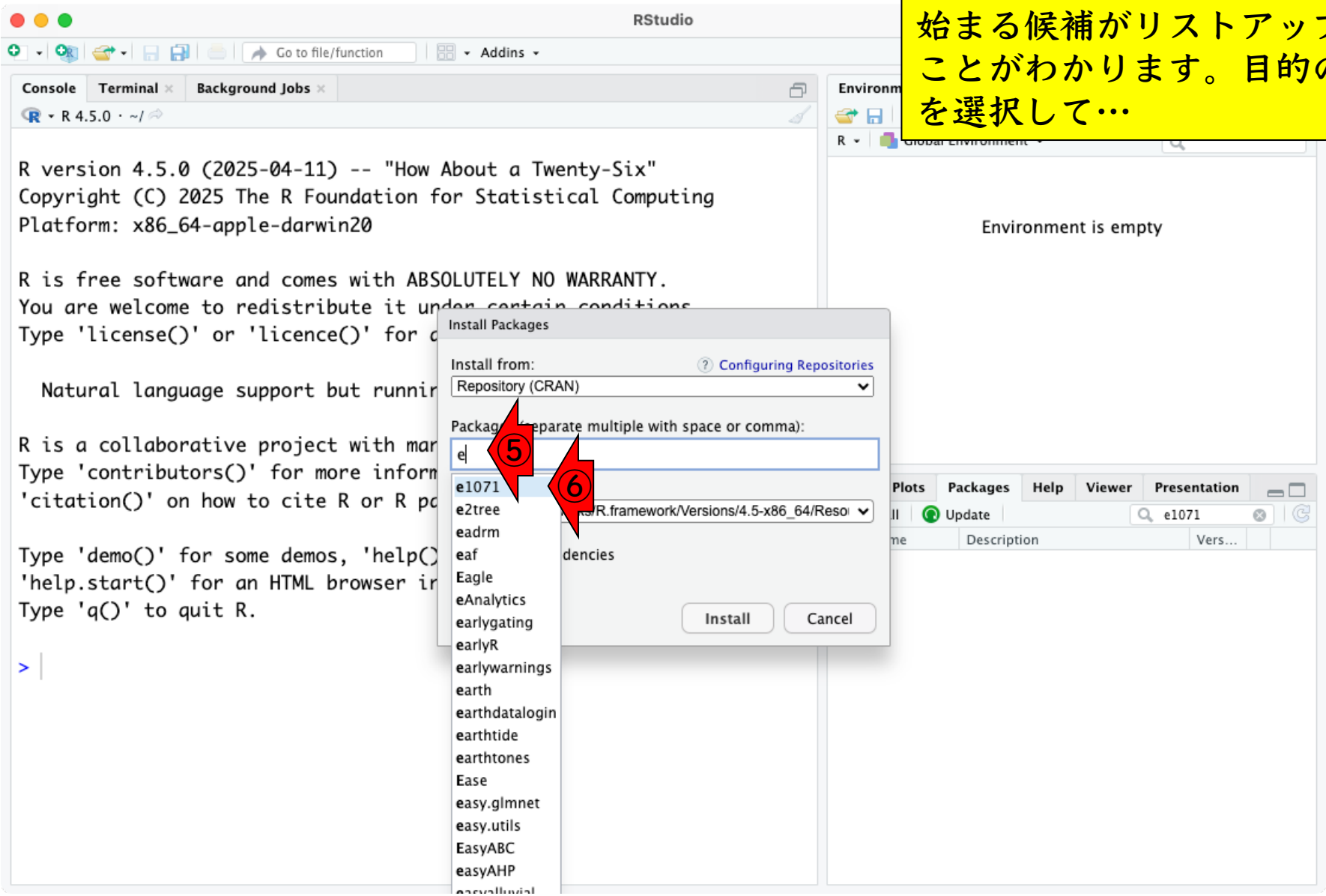
CRANのパッケージ 3

こんな感じになります。④がどこからインストールするかを指定するところで、Repository(CRAN)を選択していることを確認します。（異なっている場合はプルダウンメニューから選択し直してください。）



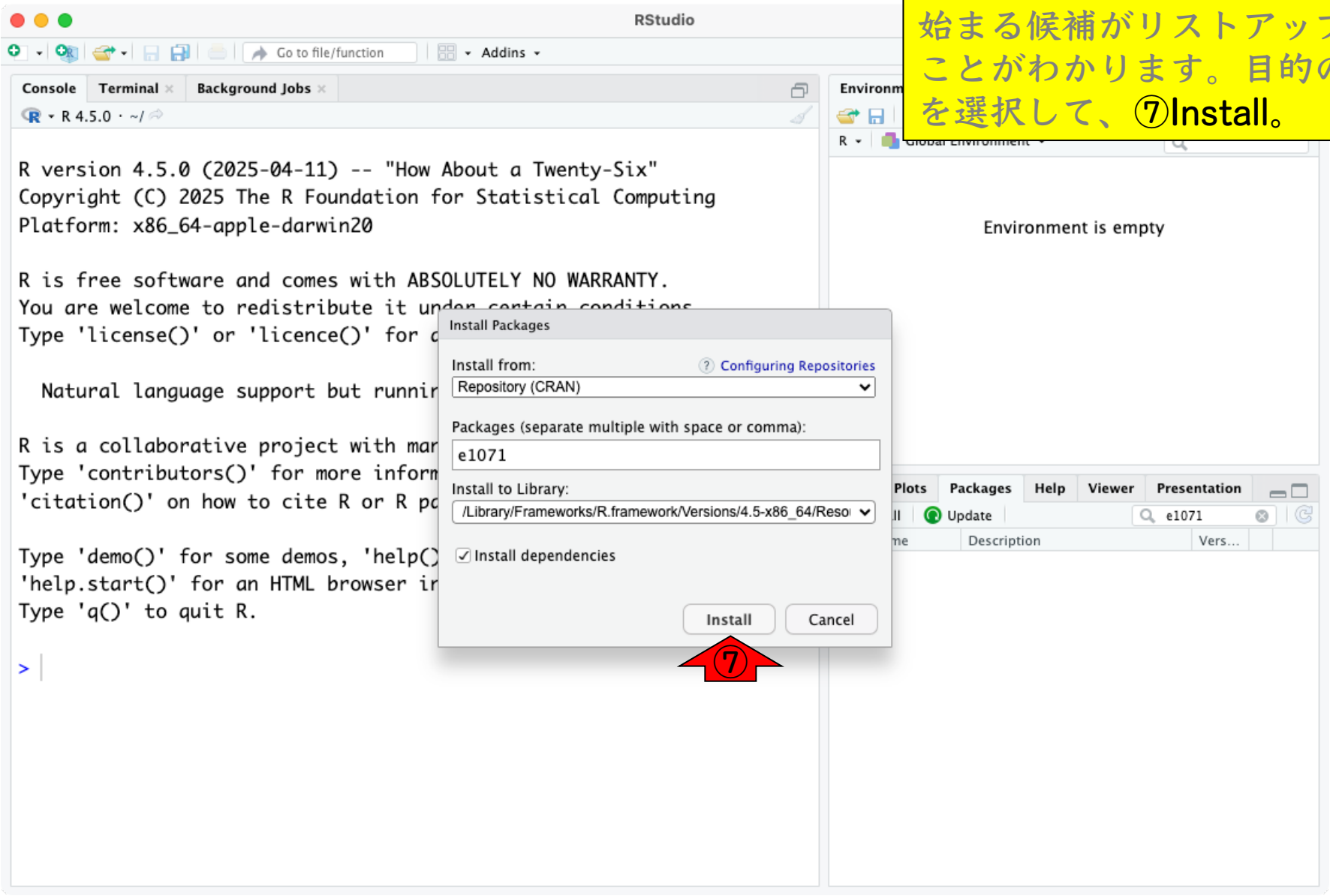
CRANのパッケージ 4

⑤の部分でインストールしたいパッケージ名を入力します。画面は「e」だけ入力した状態ですが、「e」から始まる候補がリストアップされていることがわかります。目的の⑥e1071を選択して…



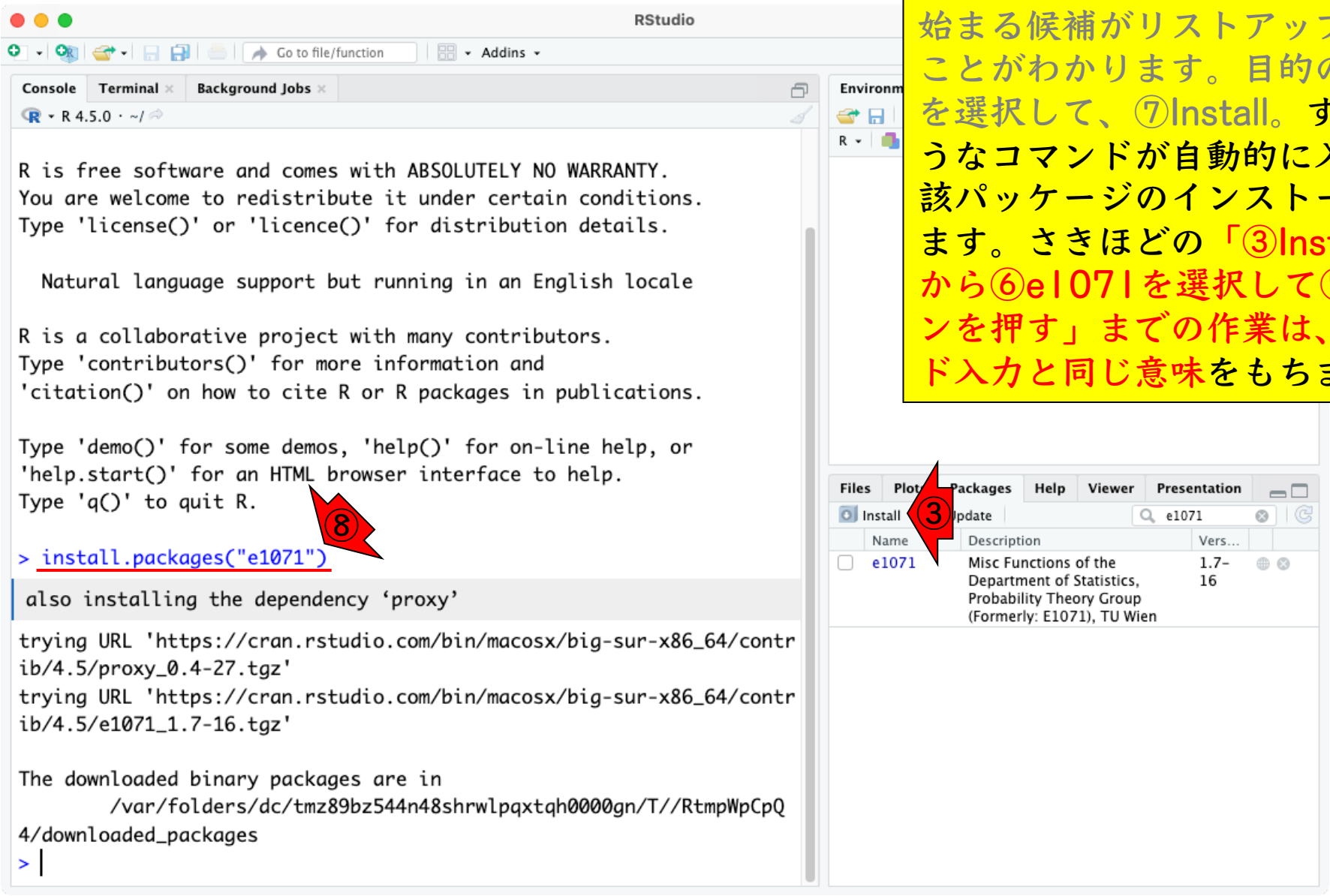
CRANのパッケージ 5

⑤の部分でインストールしたいパッケージ名を入力します。画面は「e」まで入力した状態ですが、「e」から始まる候補がリストアップされていることがわかります。目的の⑥e1071を選択して、⑦Install。

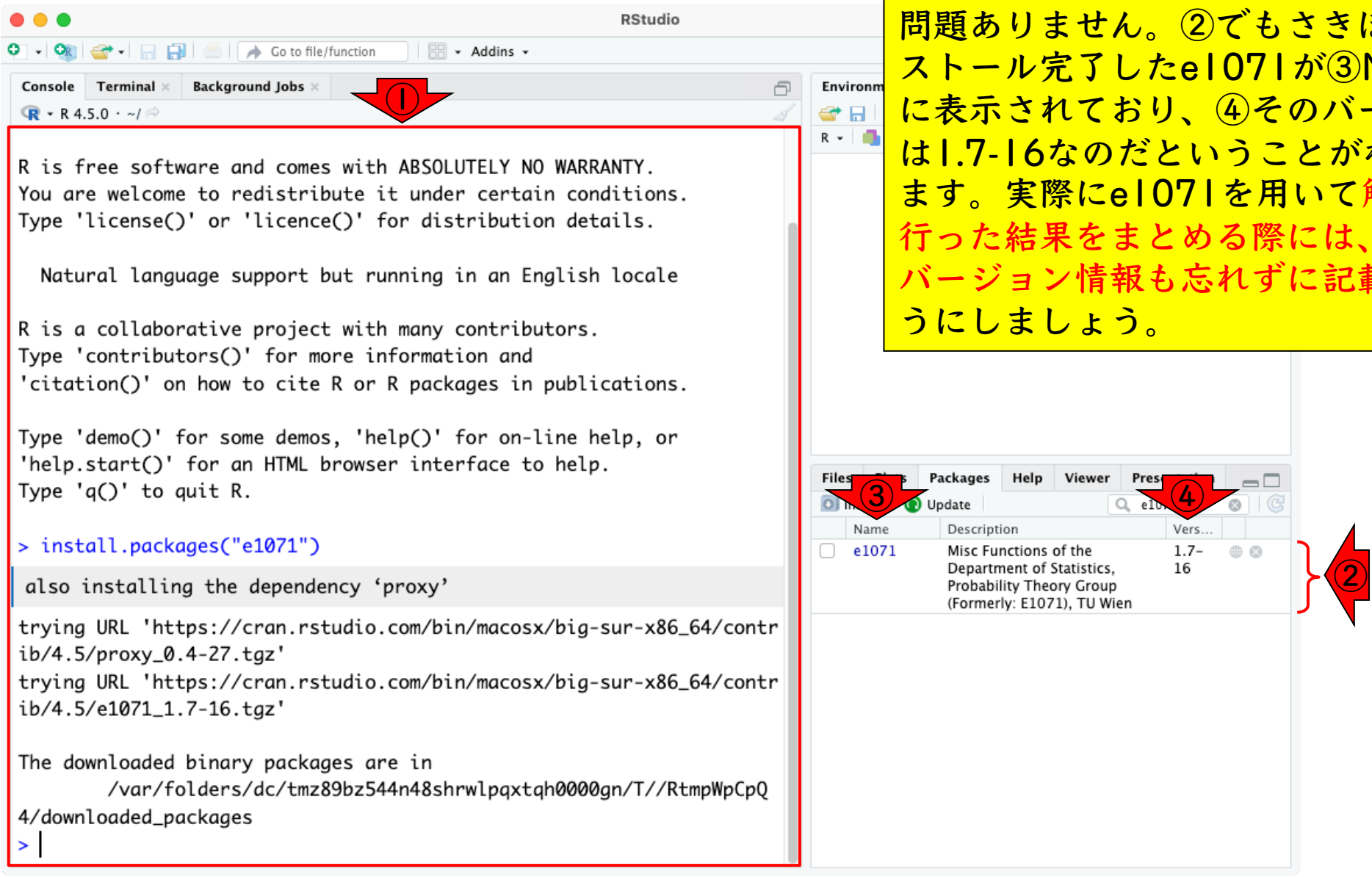


CRANのパッケージ 6

⑤の部分でインストールしたいパッケージ名を入力します。画面は「e」まで入力した状態ですが、「e」から始まる候補がリストアップされていることがわかります。目的の⑥e1071を選択して、⑦Install。すぐに⑧のようなコマンドが自動的に入力され、当該パッケージのインストールが始まります。さきほどの「③Installを押してから⑥e1071を選択して⑦Installボタンを押す」までの作業は、⑧のコマンド入力と同じ意味をもちます。

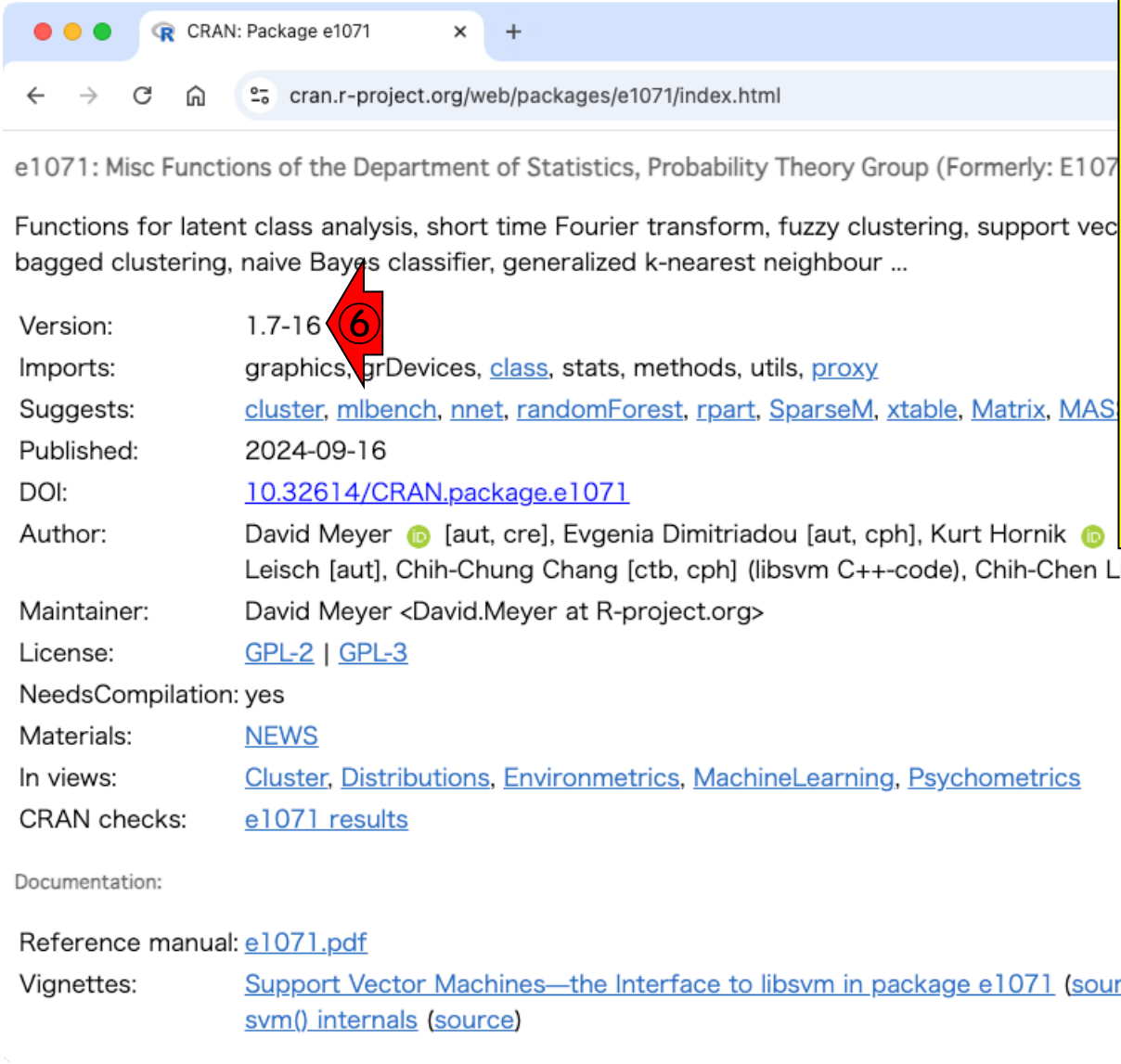


CRANのパッケージ 7



インストール完了後の状態。赤枠の①Console画面内をざっと眺めて、エラーメッセージっぽいものがなければ問題ありません。②でもさきほどインストール完了したe1071が③Name列に表示されており、④そのバージョンは1.7-16なのだということがわかります。実際にe1071を用いて解析を行った結果をまとめる際には、④そのバージョン情報も忘れずに記載するようにしましょう。

CRANのパッケージ 8



インストール完了後の状態。赤枠の①Console画面内をざっと眺めて、エラーメッセージっぽいものがなければ問題ありません。②でもさきほどインストール完了したe1071が③Name列に表示されており、④そのバージョンは1.7-13なのだということがわかります。実際にe1071を用いて解析を行った結果をまとめる際には、④そのバージョン情報も忘れずに記載するようにしましょう。⑤e1071のCRANのURLです。⑥バージョンは、確かに1.7-16であることが分かります。

⑤

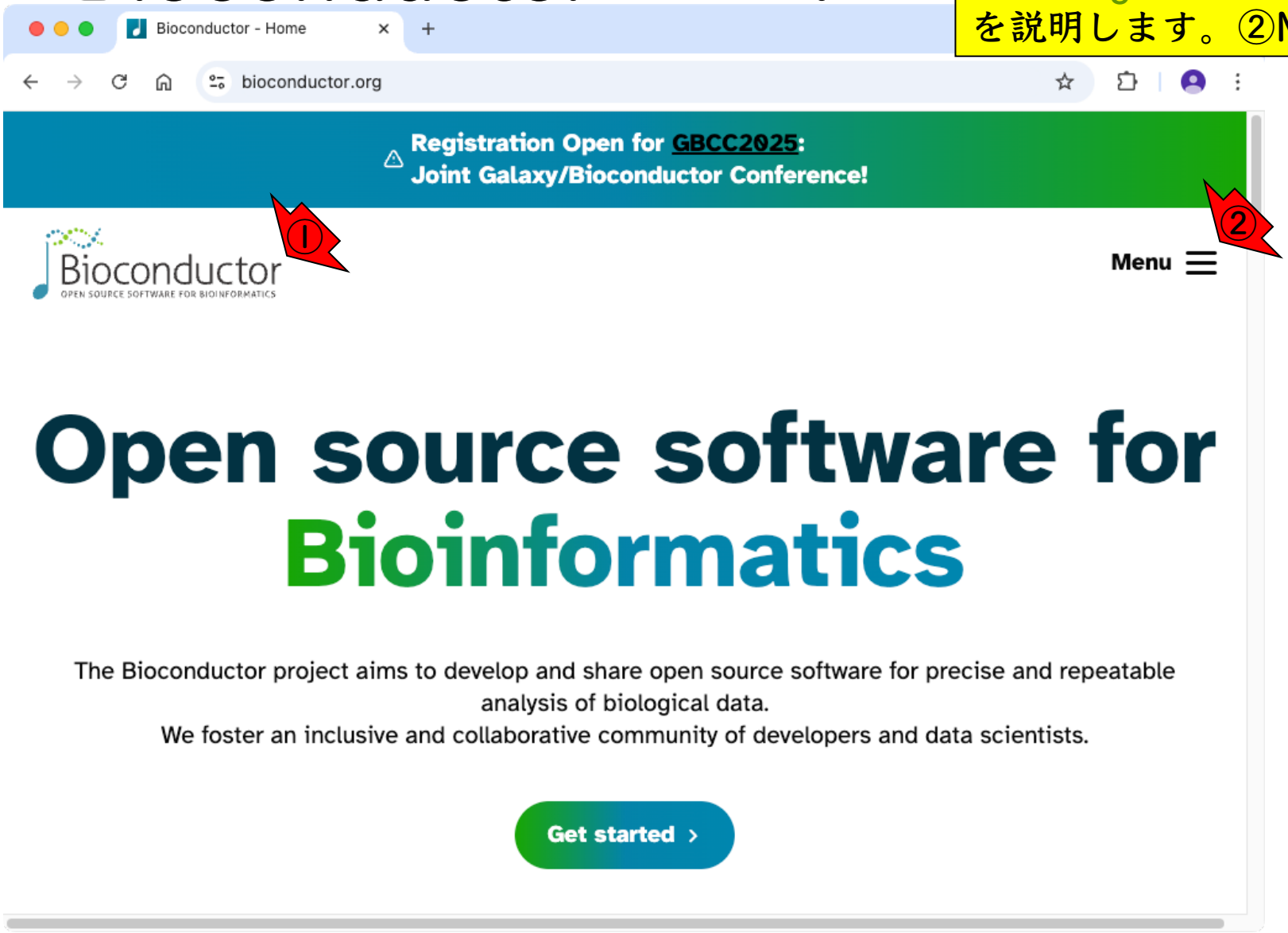
https://CRAN.R-project.org/package=e1071

Contents

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

Bioconductorの… I

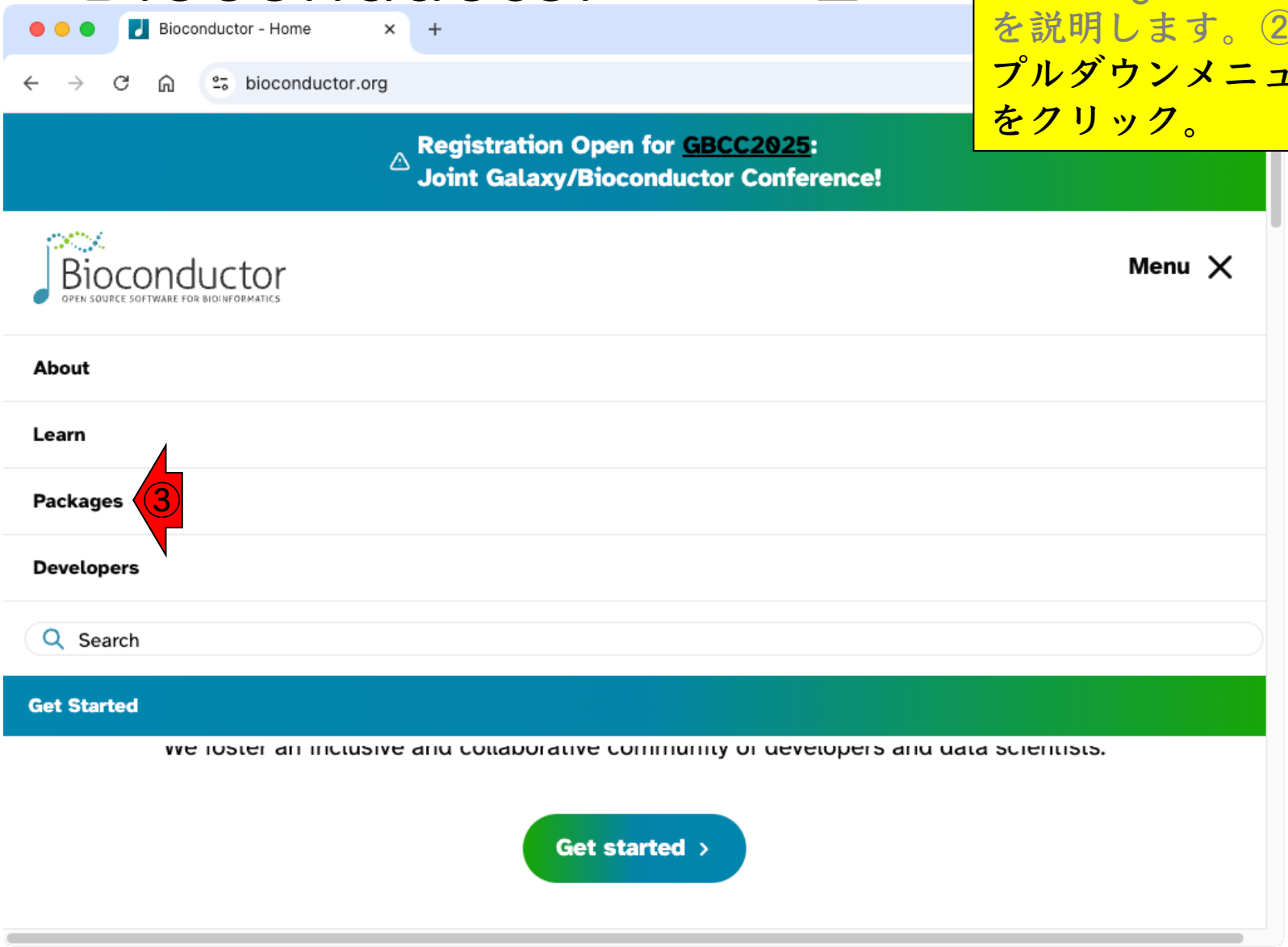
次に、①Bioconductorで提供されているパッケージの（ここではBiostringsを例に）インストール手順を説明します。②Menuをクリック。



https://bioconductor.org/

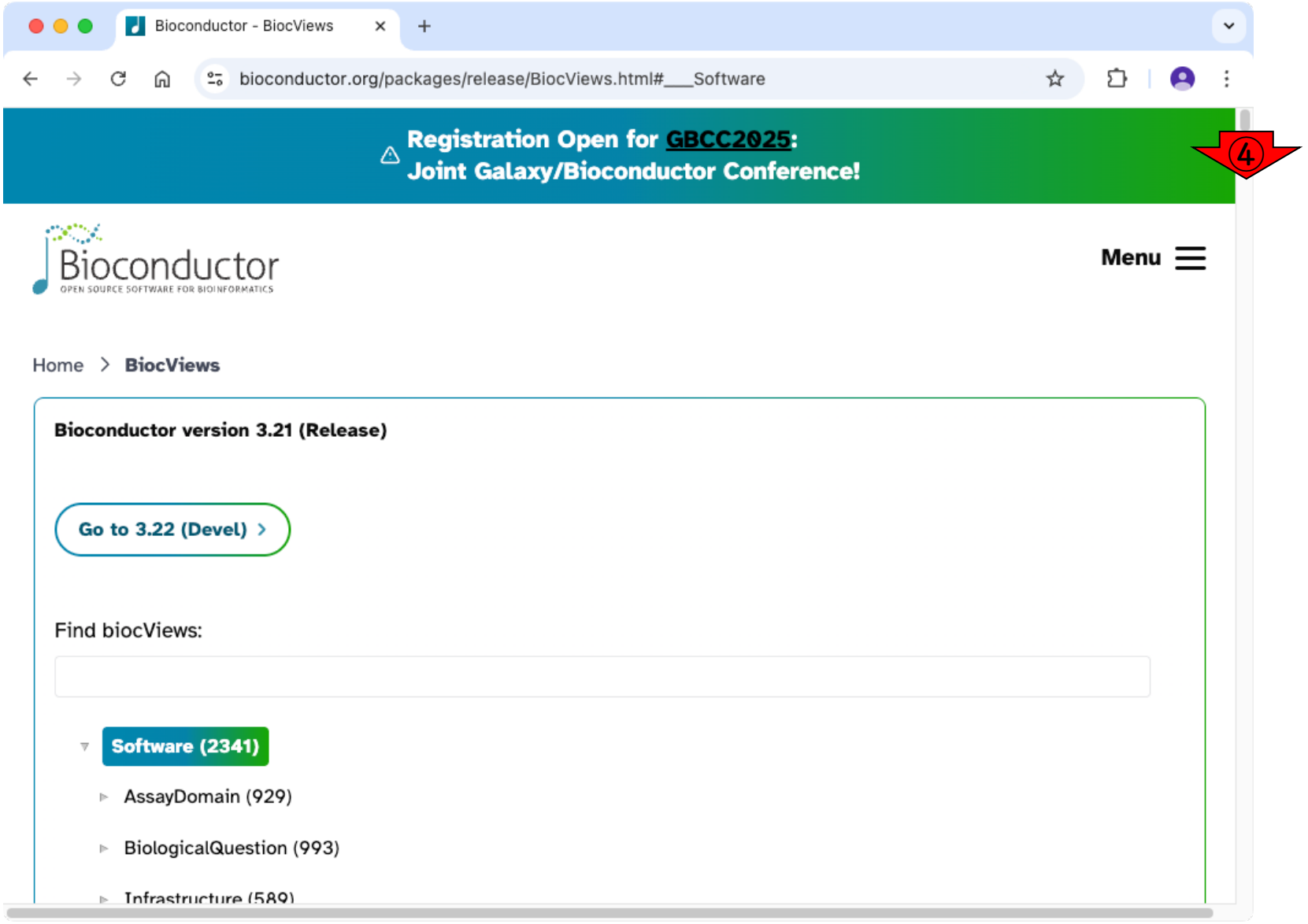
Bioconductorの… 2

次に、①Bioconductorで提供されているパッケージの（ここではBiostringsを例に）インストール手順を説明します。②Menuをクリック。プルダウンメニューから③Packagesをクリック。



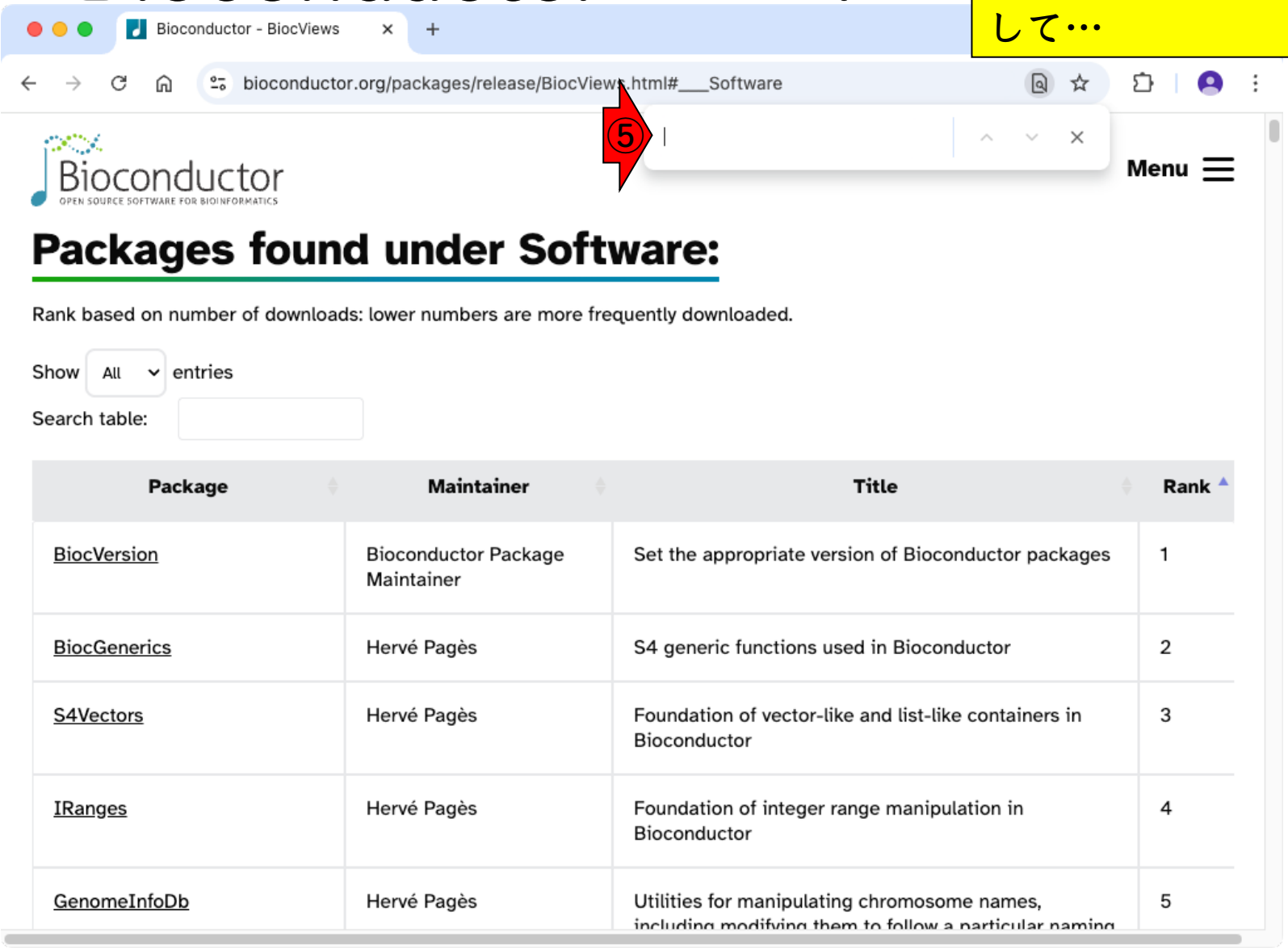
④下にスクロールすると…

Bioconductorの… 3



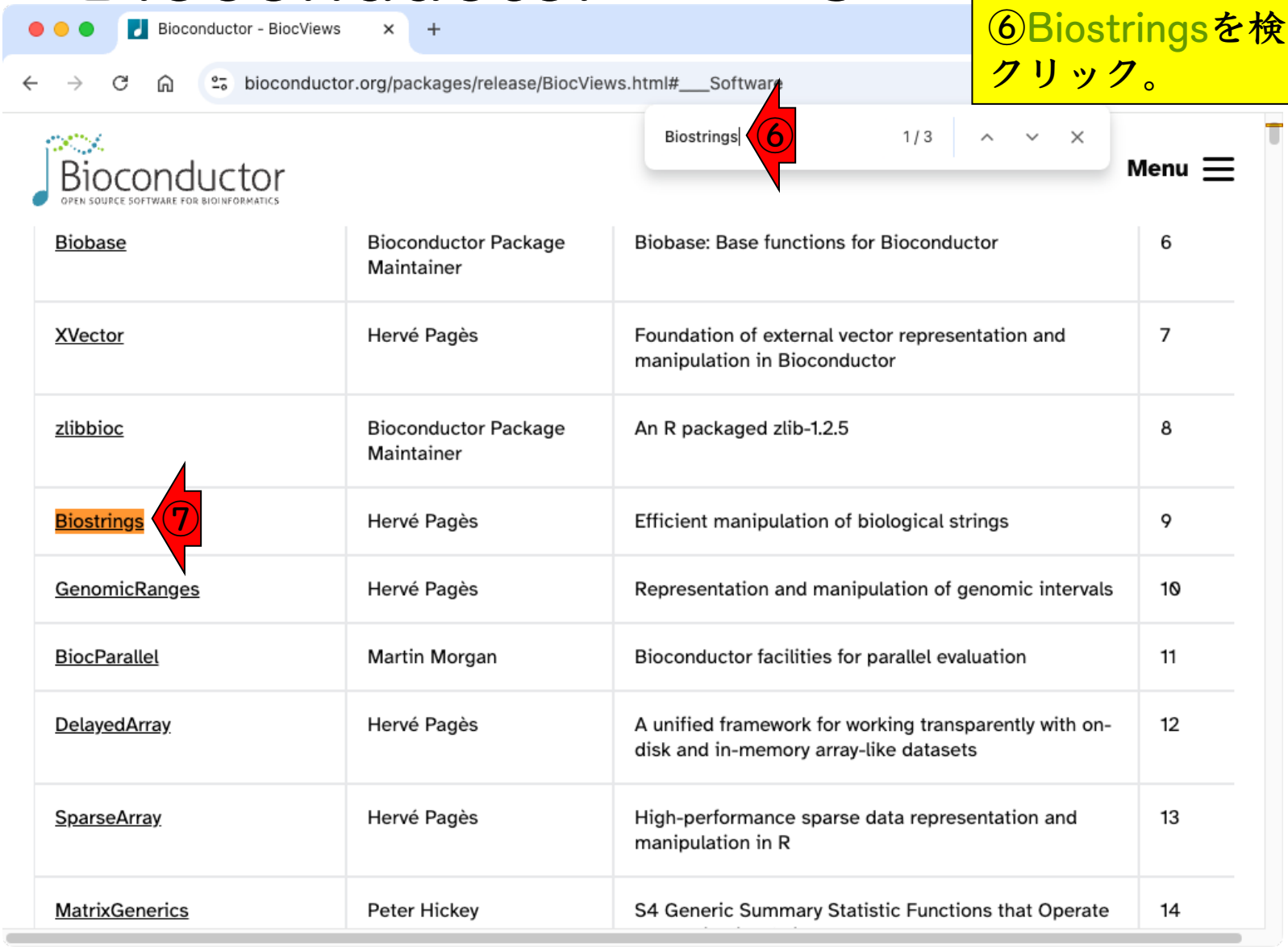
Bioconductorの… 4

④下にスクロールすると、パッケージリストがあります。⑤WEBブラウザの検索機能（command ＋ F）を表示して…



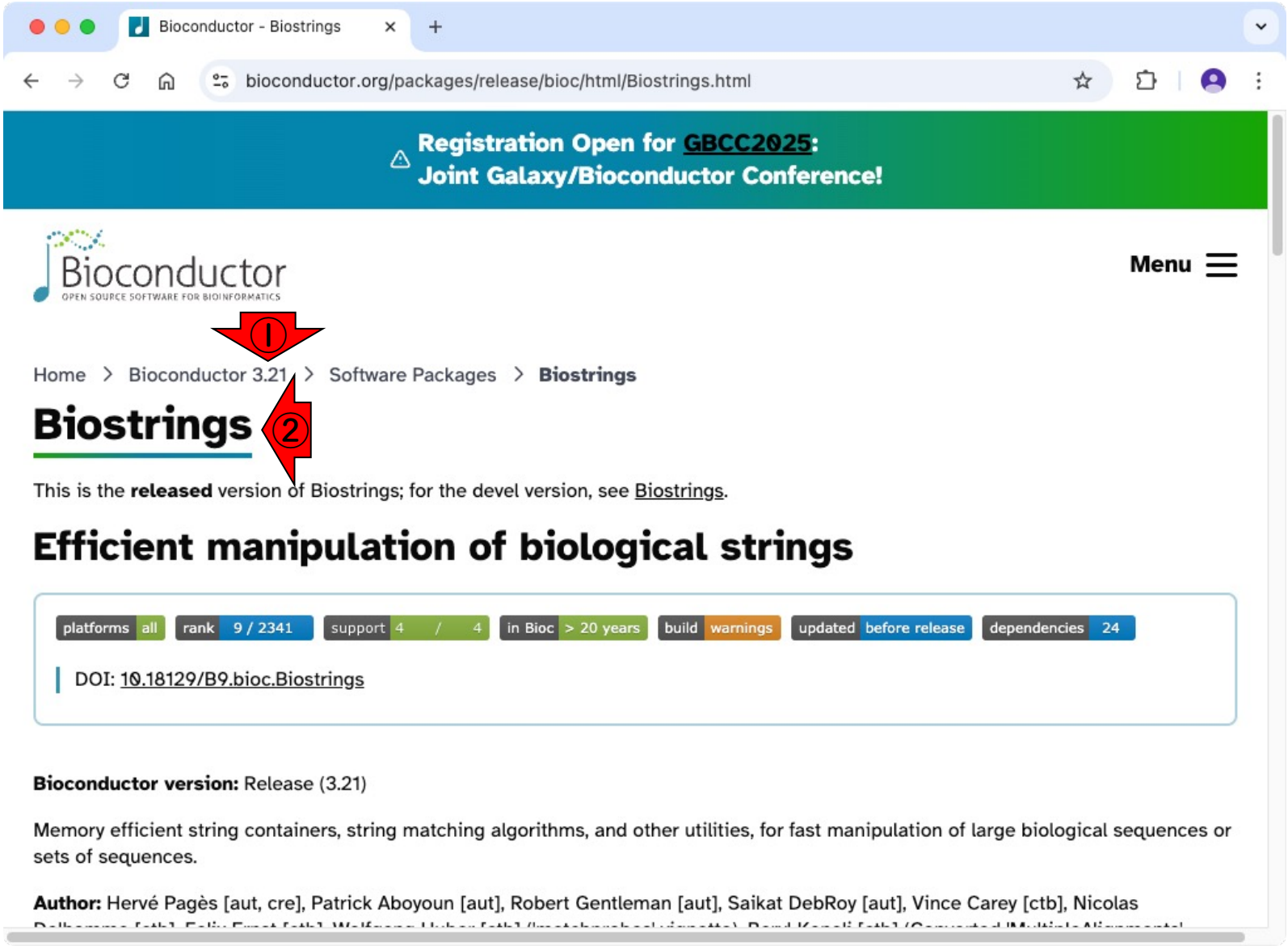
Bioconductorの… 5

④下にスクロールすると、パッケージリストがあります。⑤WEBブラウザの検索機能（Ctrl ＋ F）を表示して、⑥Biostringsを検索し、見つけたら⑦クリック。



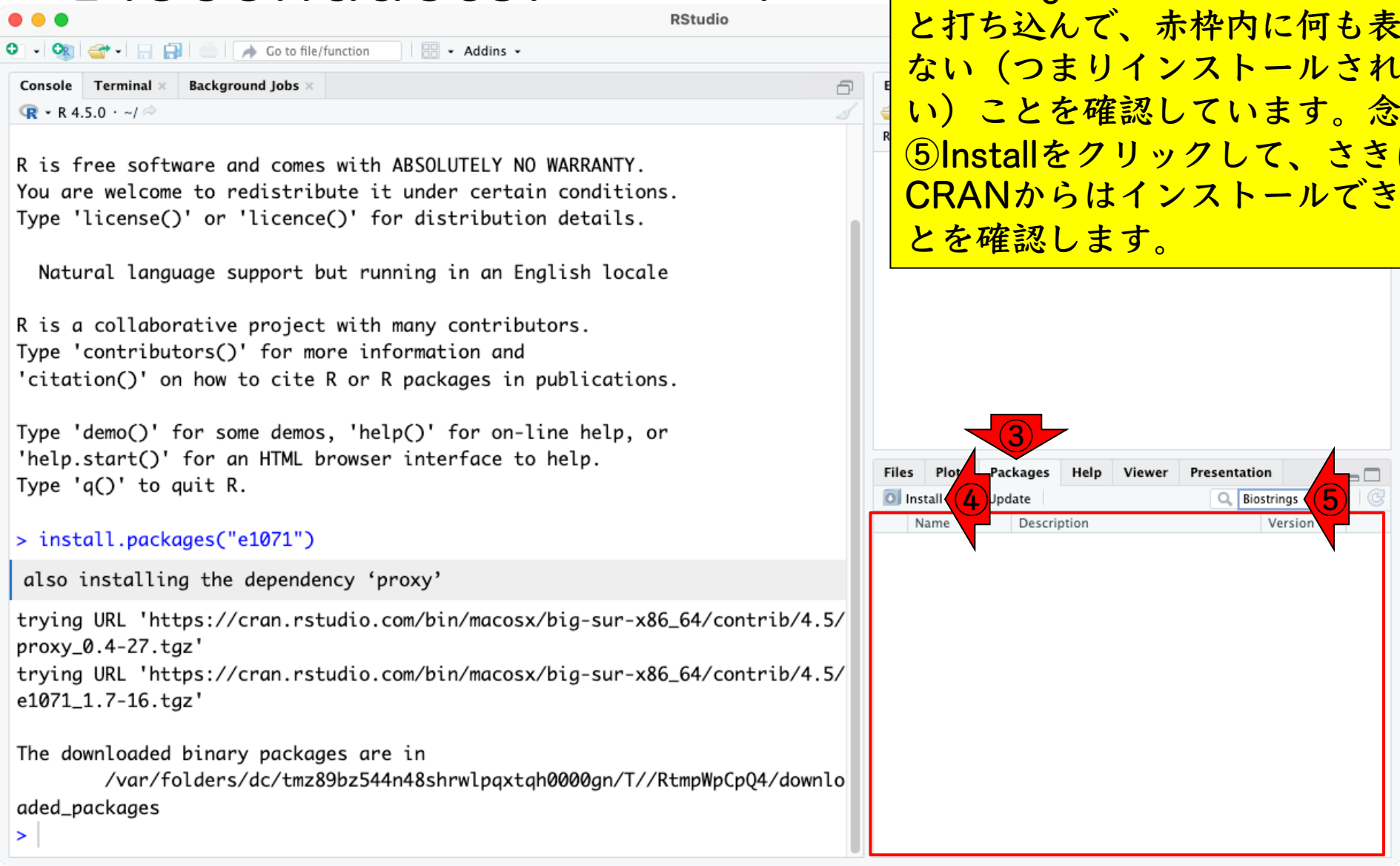
Bioconductorの… 6

①Bioconductorのリリース3.21に含まれる②Biostringsのページ。



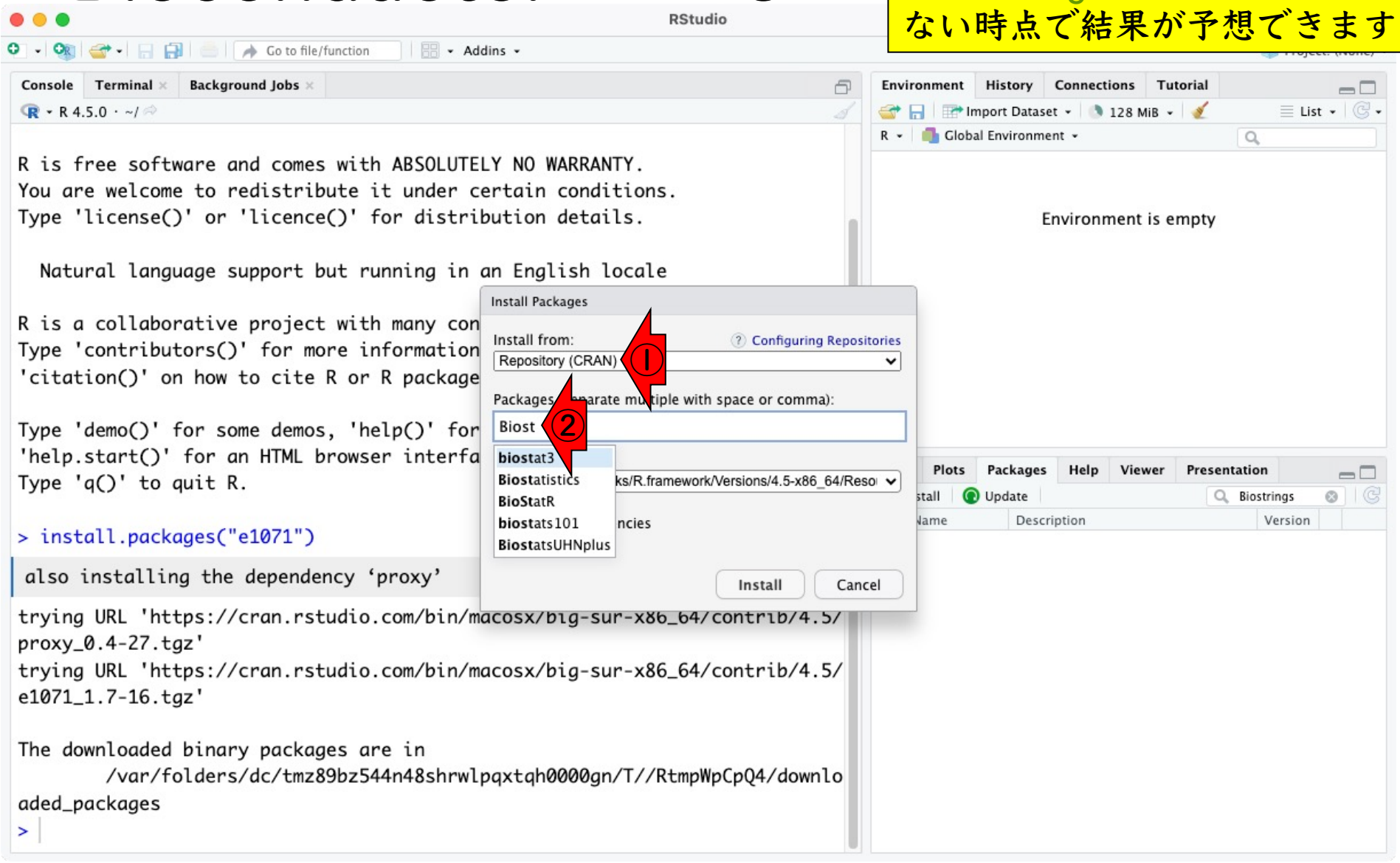
Bioconductorの… 7

①Bioconductorのリリース3.21に含まれる②Biostringsのページ。まずは、③Packagesタブ上で、④Biostringsと打ち込んで、赤枠内に何も表示されない（つまりインストールされてない）ことを確認しています。念のため、⑤Installをクリックして、さきほどのCRANからはインストールできないことを確認します。



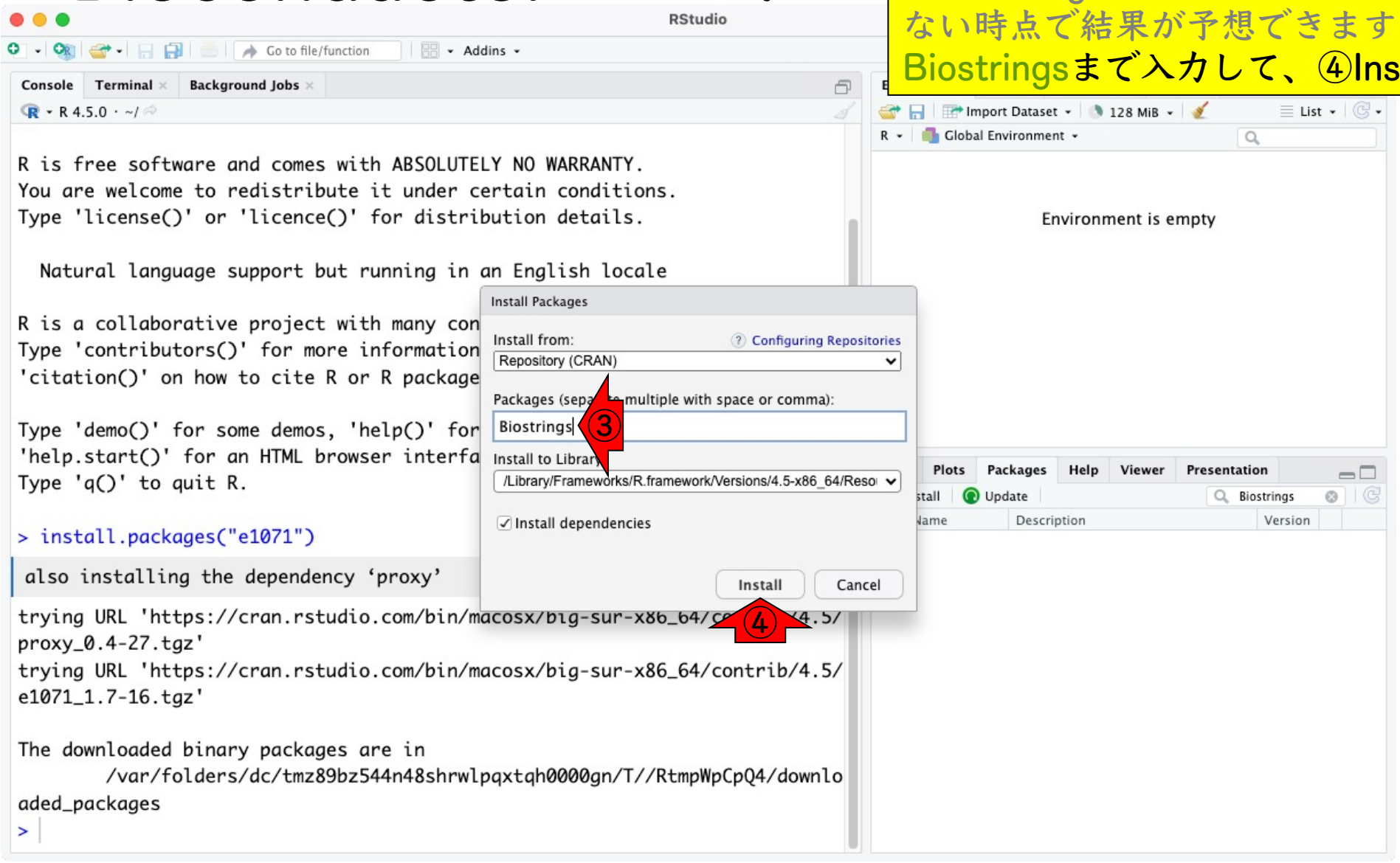
Bioconductorの… 8

①デフォルトのCRANのままで、②Biostまで打ち込んだ状態。候補の中にBiostringsがリストアップされていない時点で結果が予想できますが…



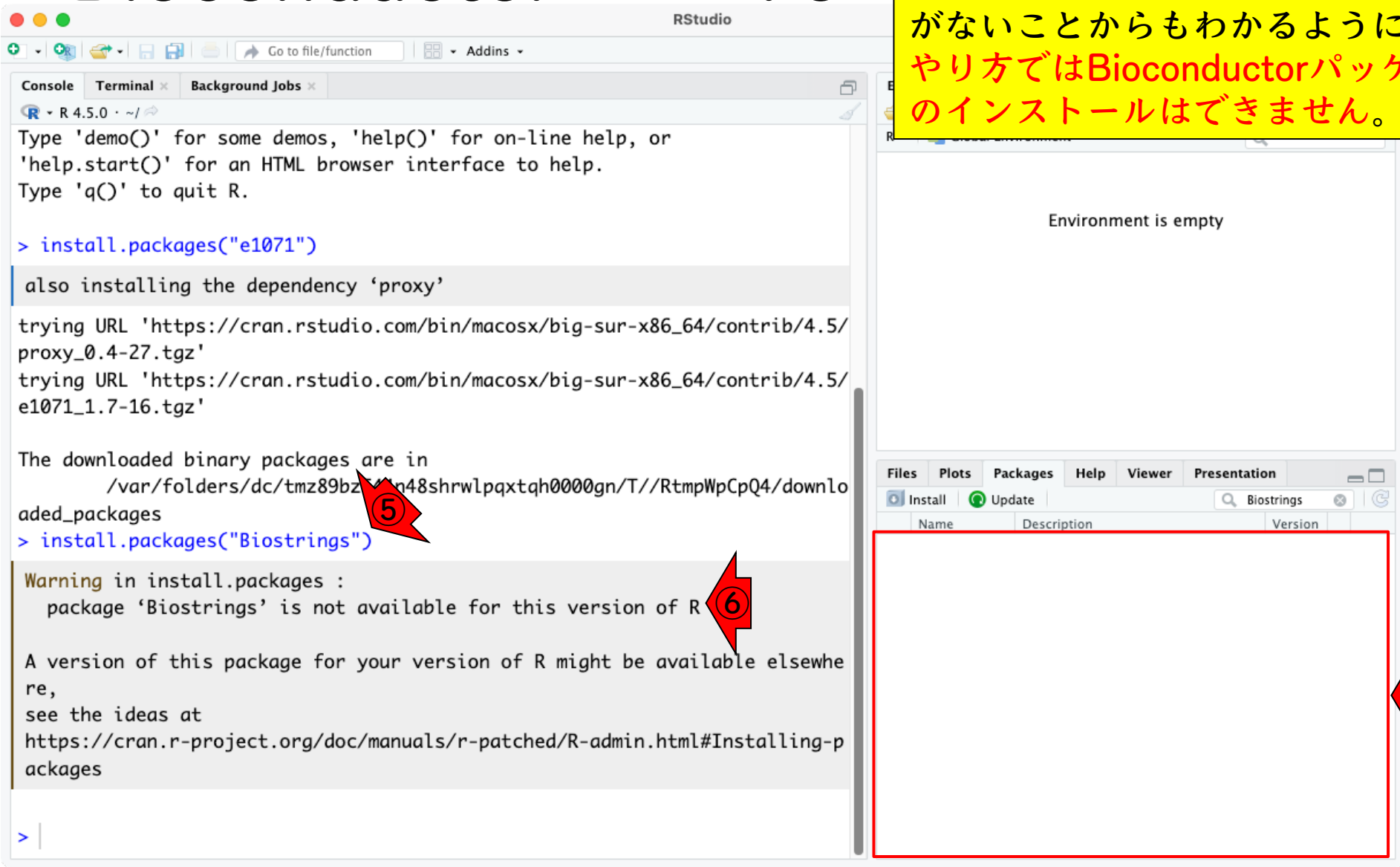
Bioconductorの…９

①デフォルトのCRANのままで、②Biostまで打ち込んだ状態。候補の中にBiostringsがリストアップされていない時点で結果が予想できますが、③Biostringsまで入力して、④Install。



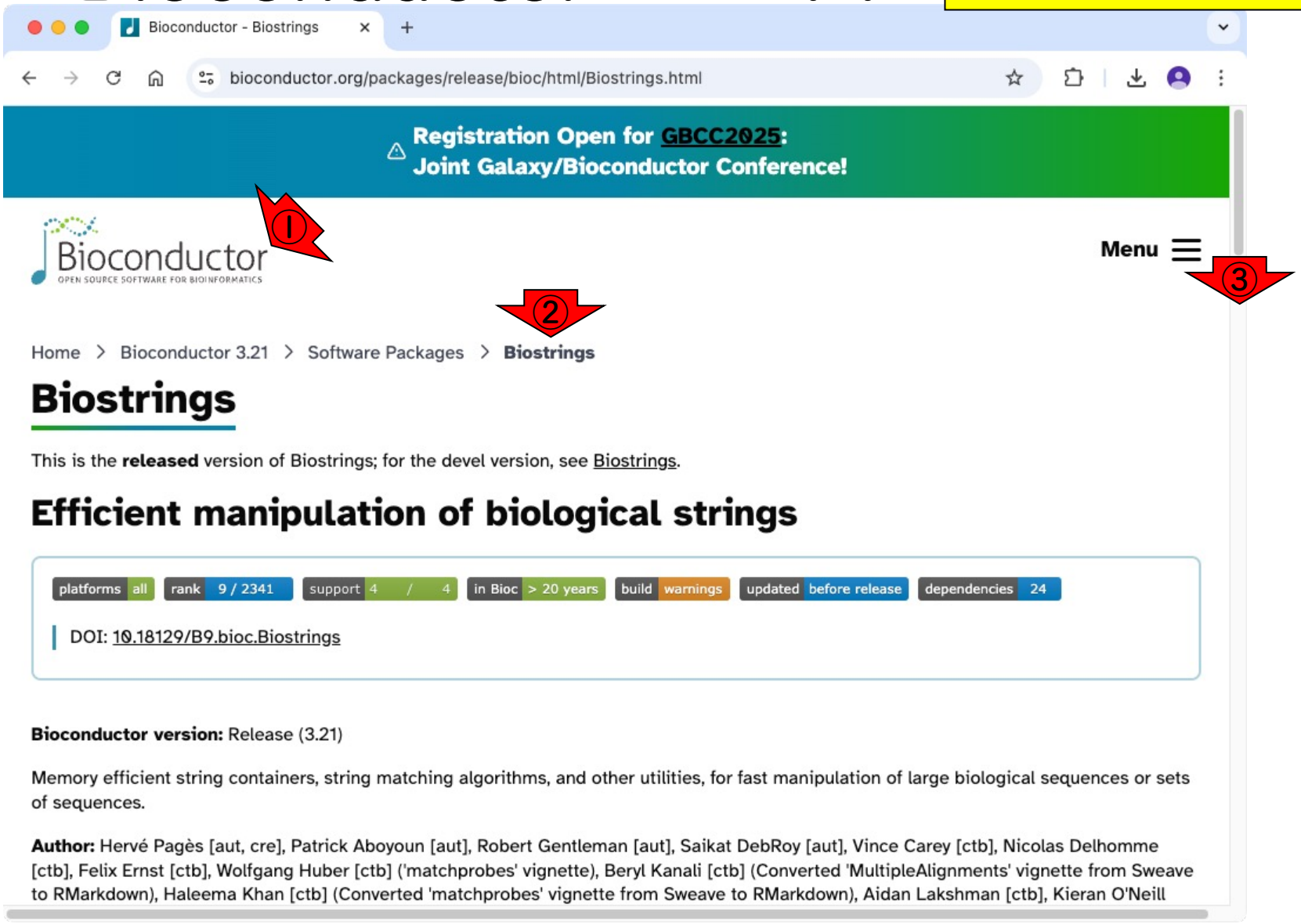
Bioconductorの… 10

⑤のコマンドが実行されますが、⑥でも「利用できません」と書かれていることから、そして⑦赤枠内に何の変化がないことからもわかるように、このやり方ではBioconductorパッケージのインストールはできません。



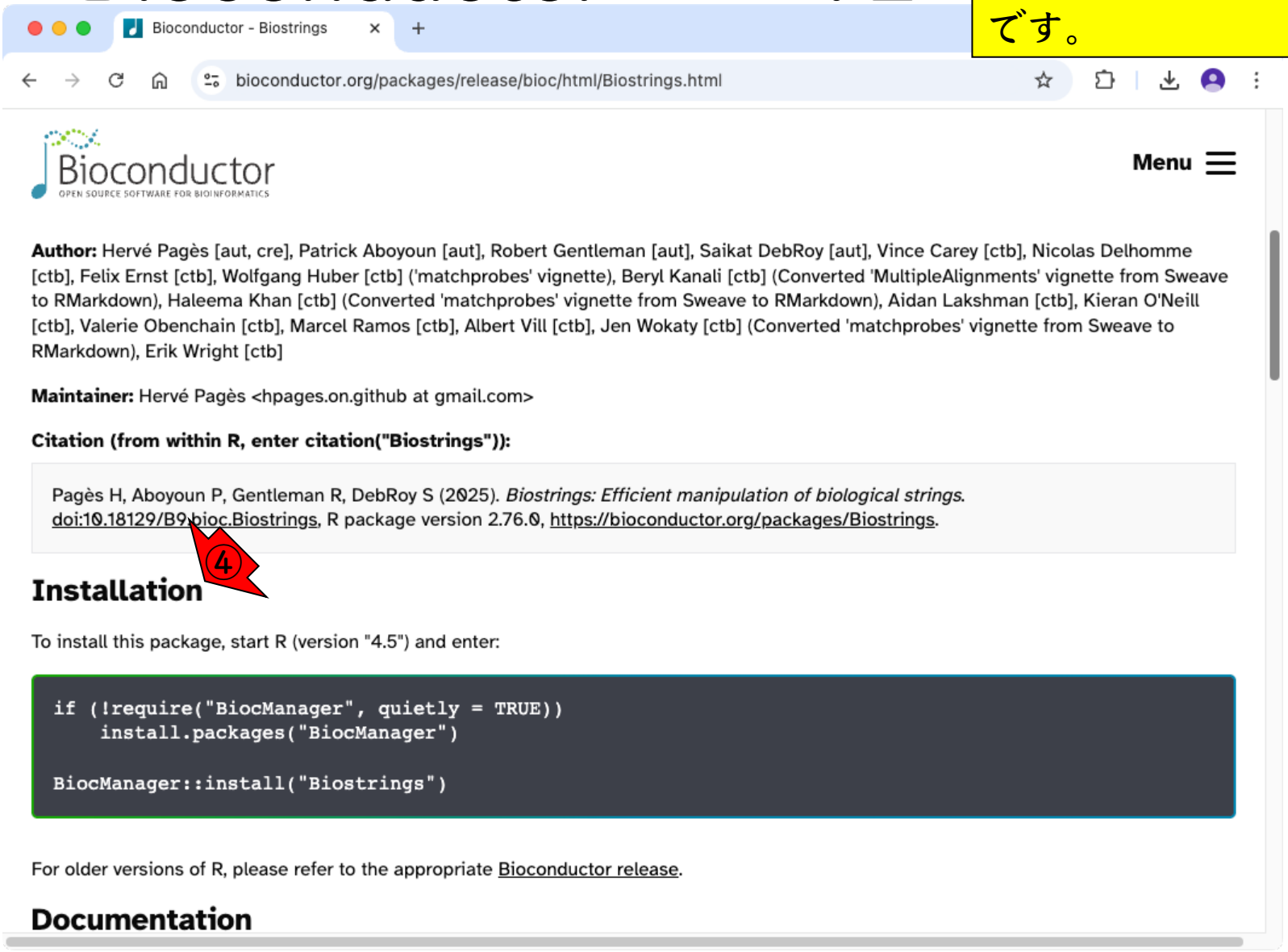
Bioconductorの…Ⅱ

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



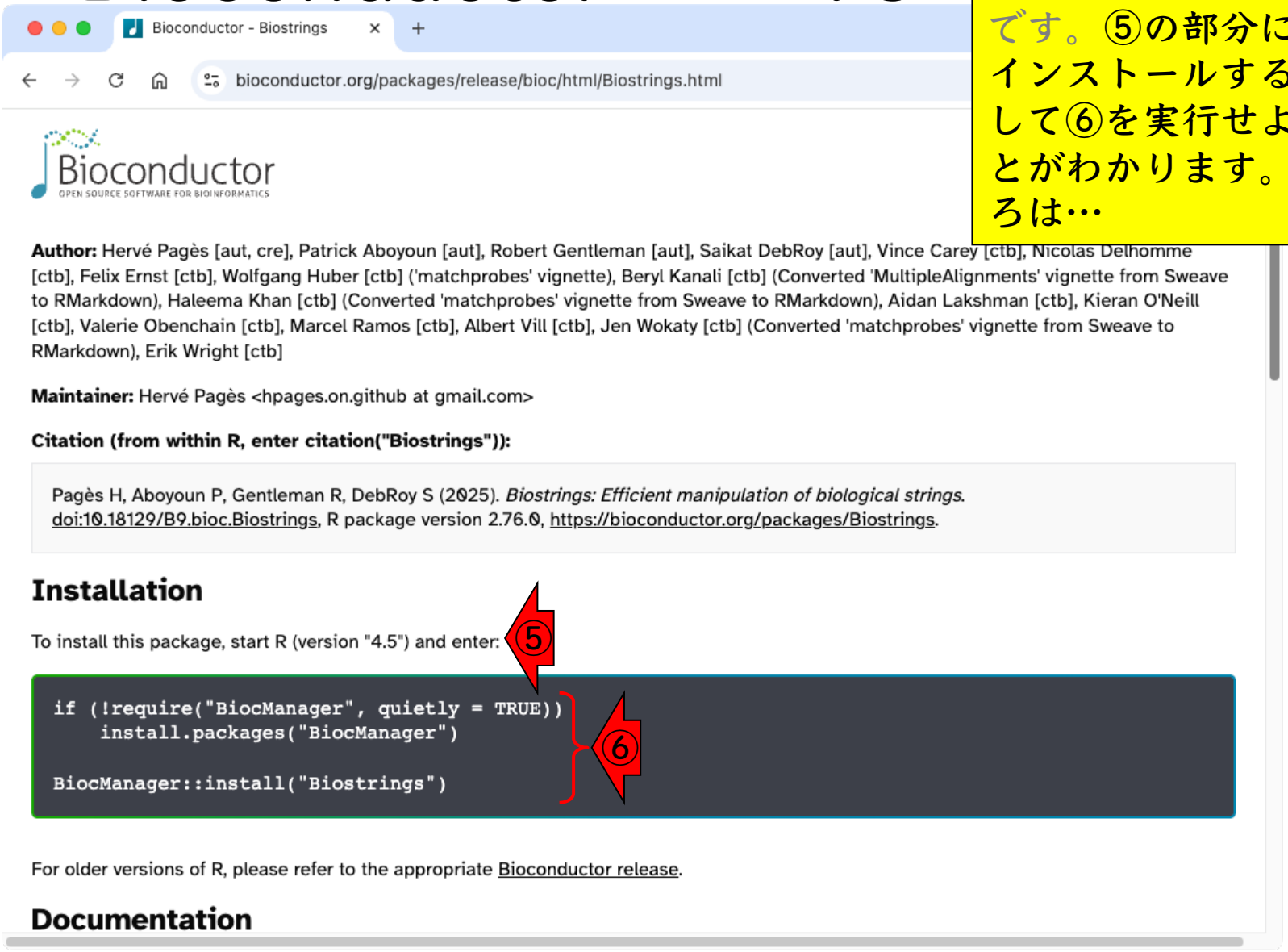
Bioconductorの… 12

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

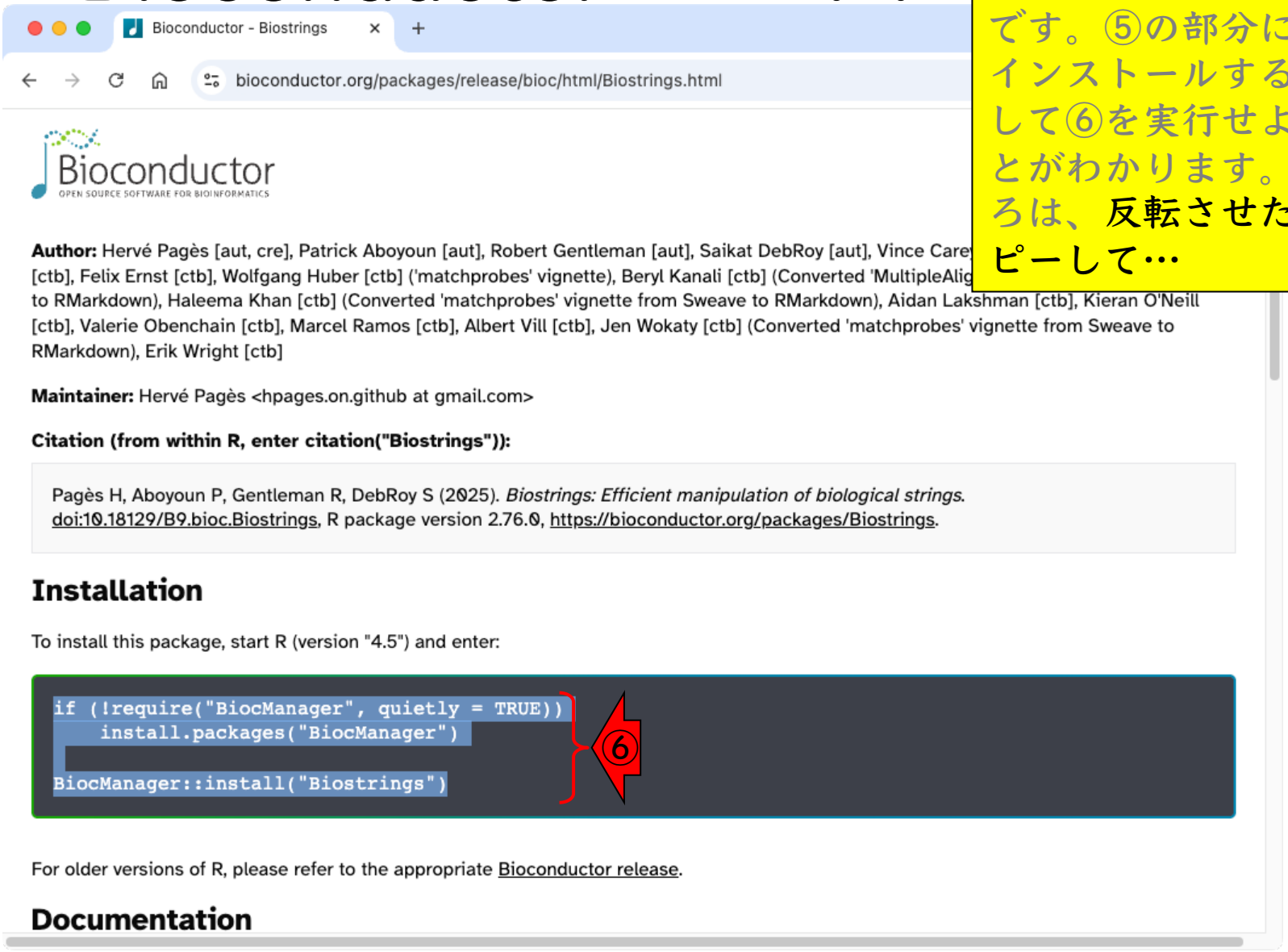


Bioconductorの… 13

①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④のところです。⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、R 4.5を起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。これの意味するところは…

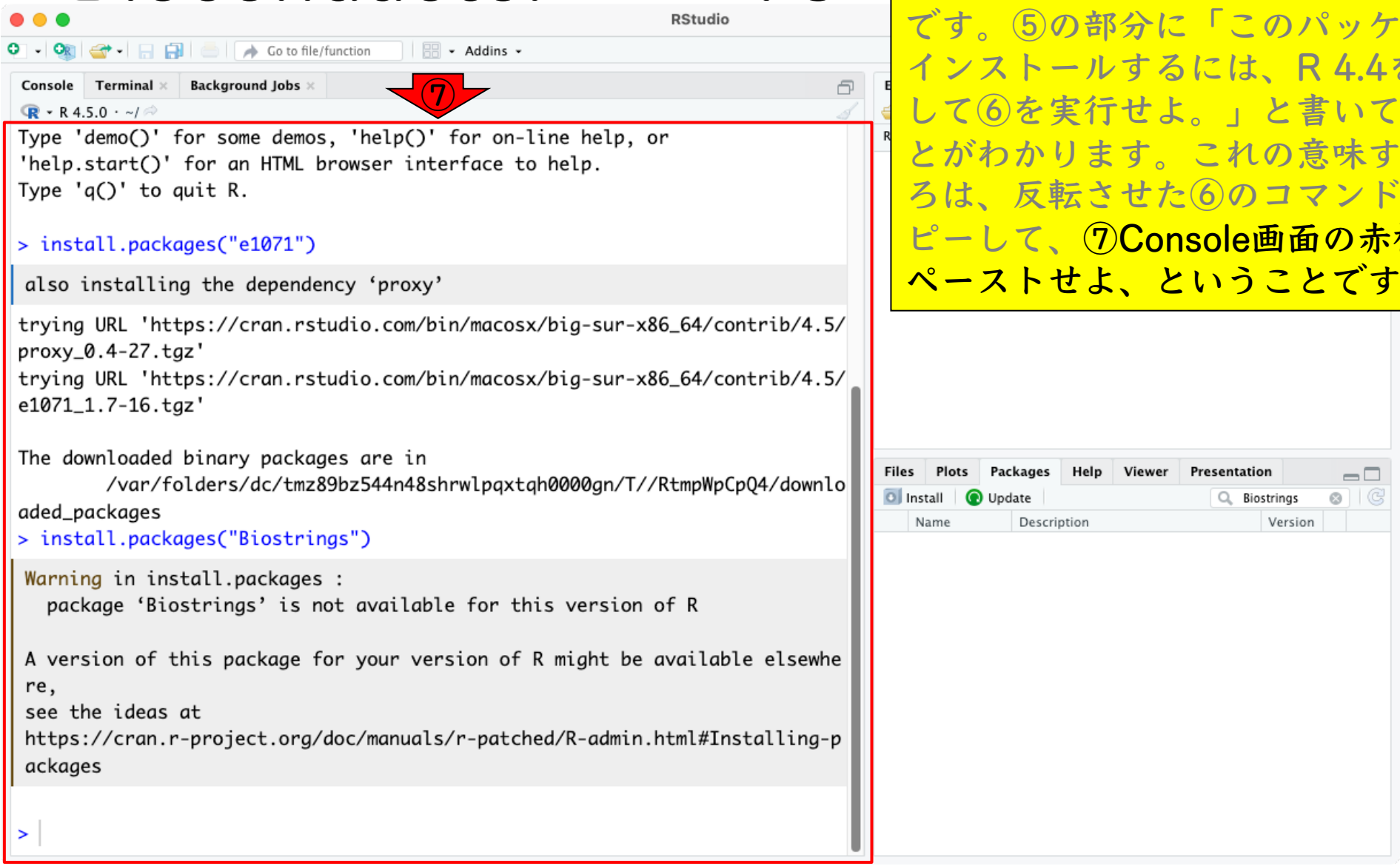


Bioconductorの… 14



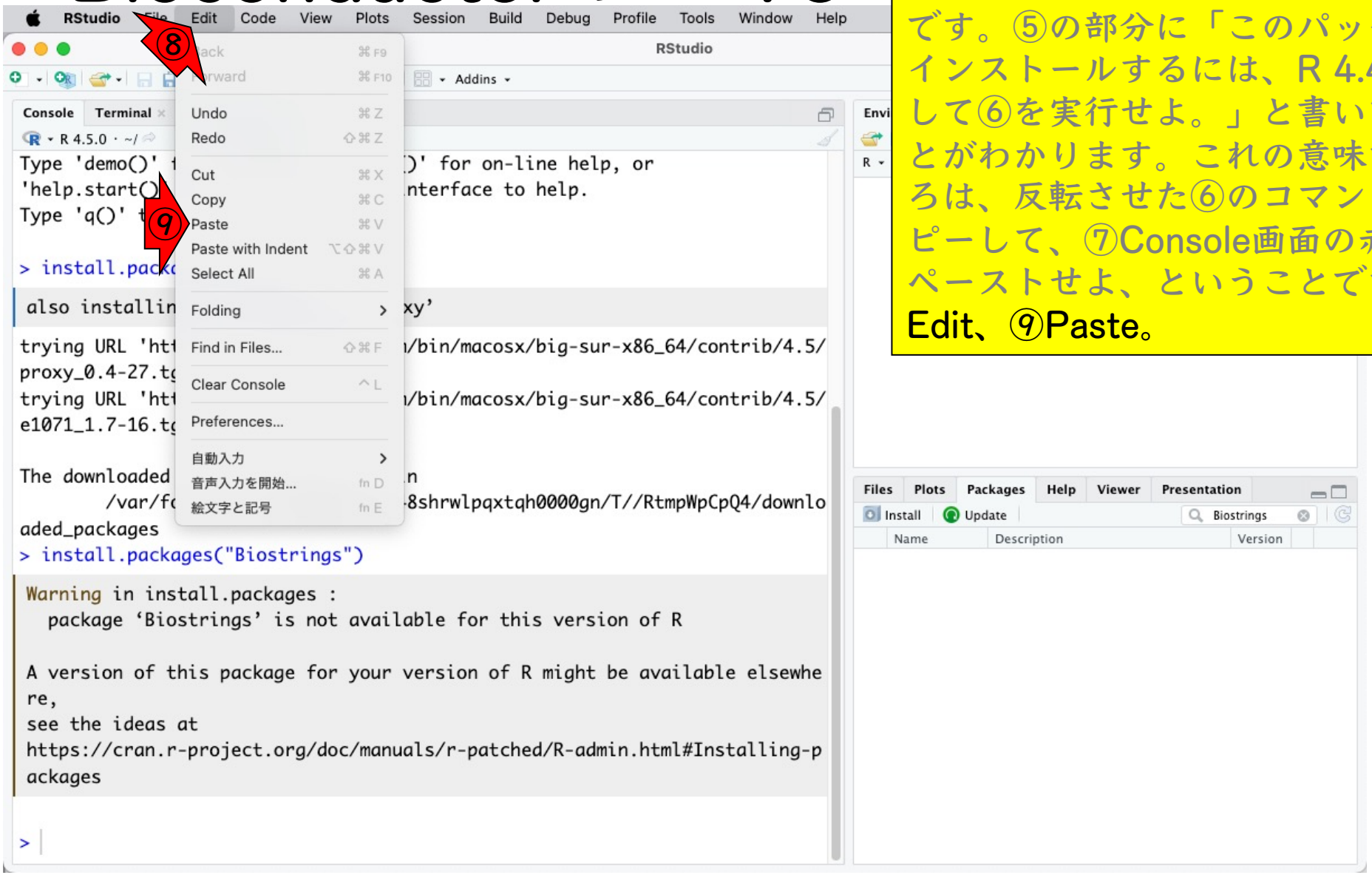
①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④のところです。⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、R 4.4を起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。これの意味するところは、反転させた⑥のコマンドをコピーして…

Bioconductorの… 15



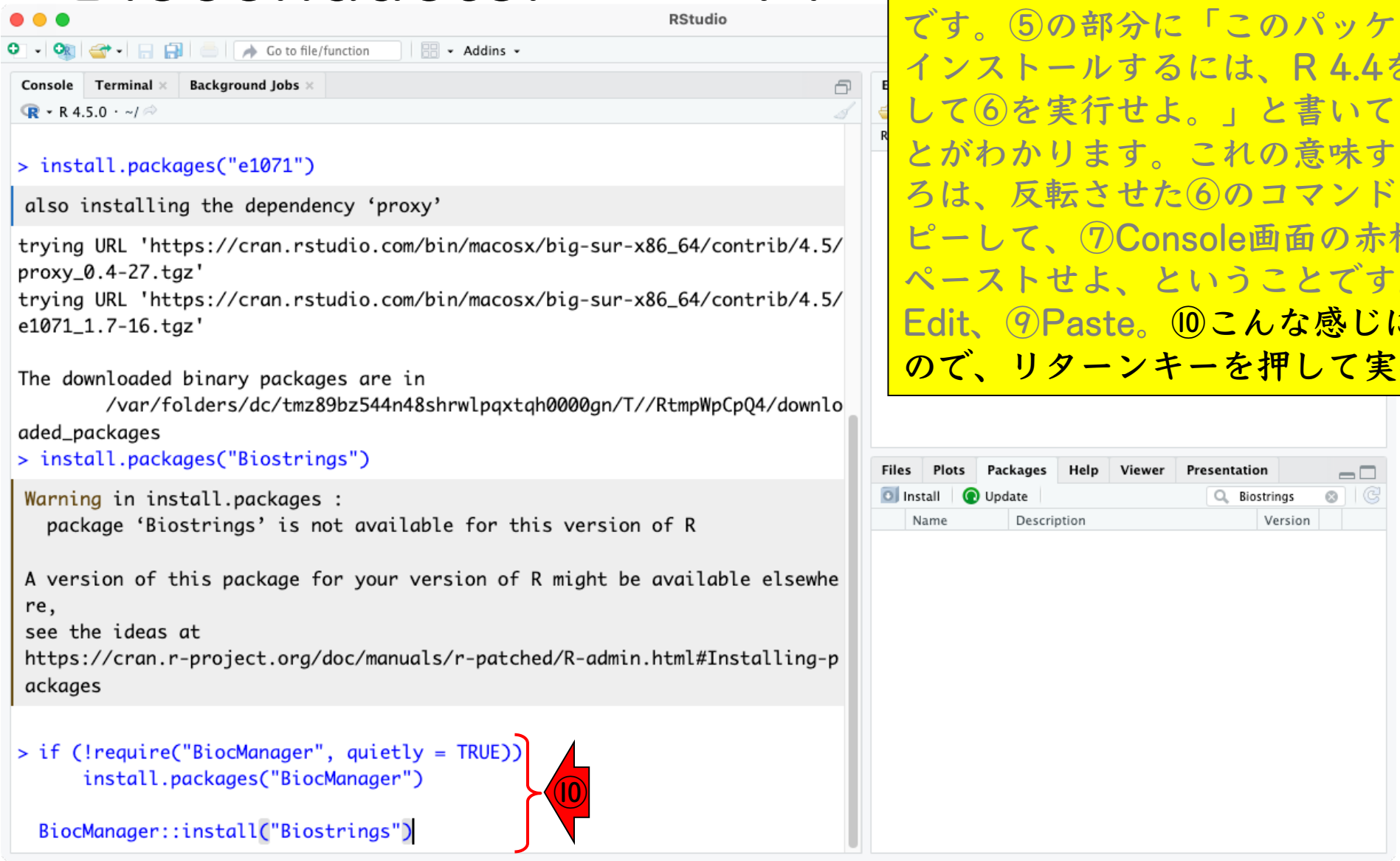
①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④のところです。⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、R 4.4を起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。これの意味するところは、反転させた⑥のコマンドをコピーして、⑦Console画面の赤枠内でペーストせよ、ということです。

Bioconductorの… 16



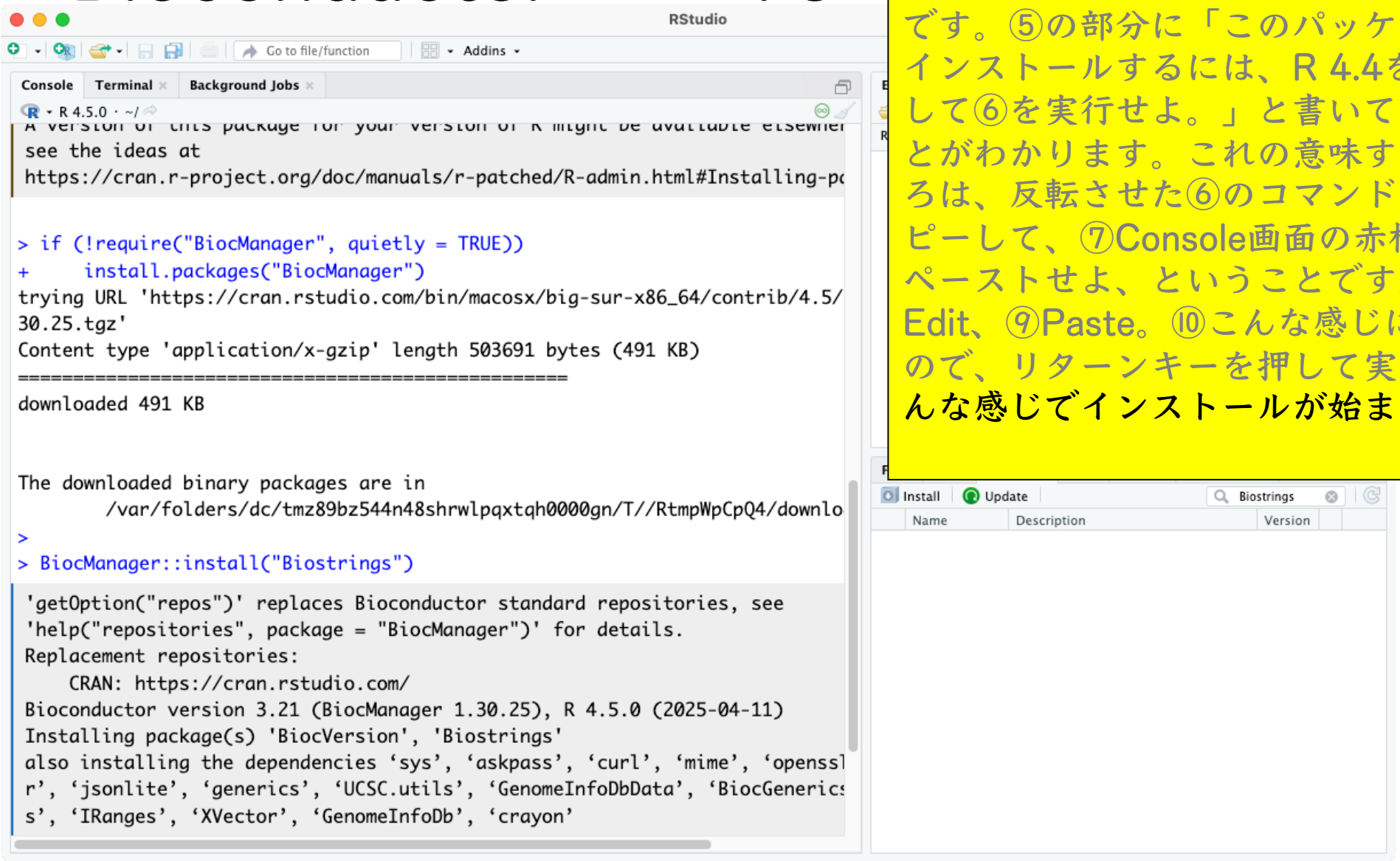
①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④のところです。⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、R 4.4を起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。これの意味するところは、反転させた⑥のコマンドをコピーして、⑦Console画面の赤枠内でペーストせよ、ということです。⑧Edit、⑨Paste。

Bioconductorの… 17



①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④のところです。⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、R 4.4を起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。これの意味するところは、反転させた⑥のコマンドをコピーして、⑦Console画面の赤枠内でペーストせよ、ということです。⑧Edit、⑨Paste。⑩こんな感じになるので、リターンキーを押して実行。

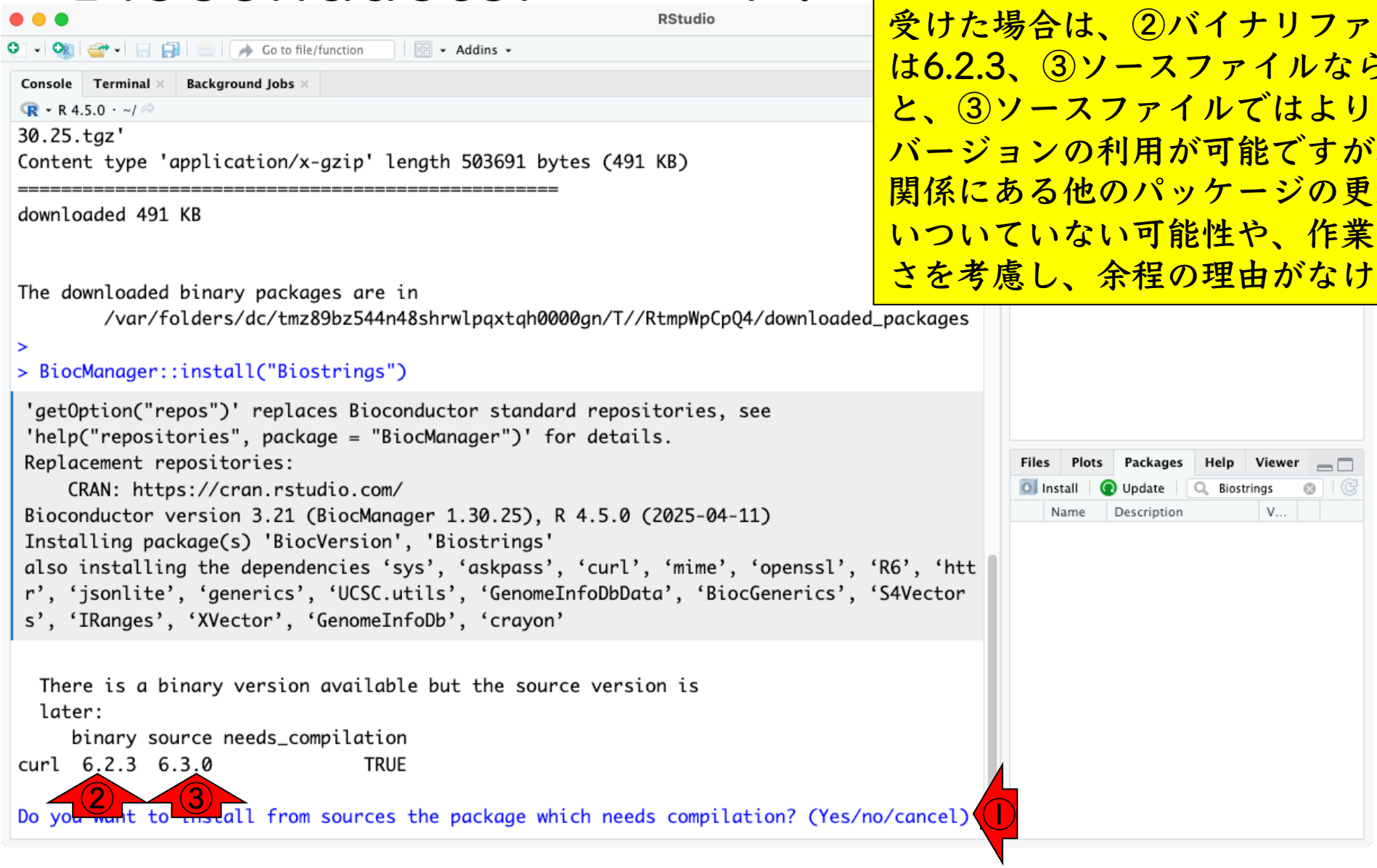
Bioconductorの… 18



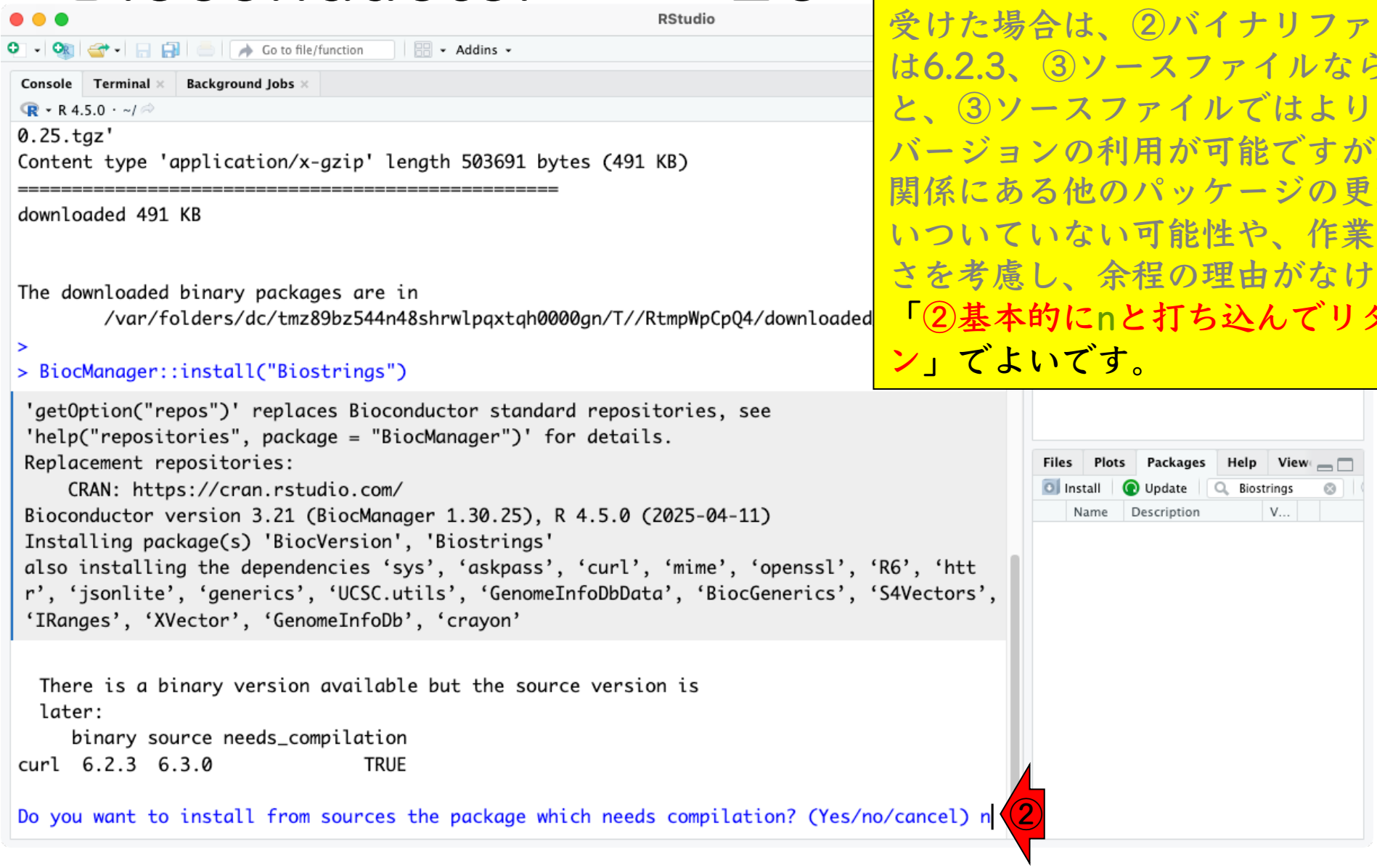
①Bioconductor内の②Biostringsのページを再掲。インストール法は、③もう少し下部にあります。④のところです。⑤の部分に「このパッケージをインストールするには、R 4.4を起動して⑥を実行せよ。」と書いていることがわかります。これの意味するところは、反転させた⑥のコマンドをコピーして、⑦Console画面の赤枠内でペーストせよ、ということです。⑧Edit、⑨Paste。⑩こんな感じになるので、リターンキーを押して実行。こんな感じでインストールが始まります。

Bioconductorの… 19

途中で①のように「コンパイルが必要なパッケージをソースファイルからインストールするか?」といった質問を受けた場合は、②バイナリファイルでは6.2.3、③ソースファイルなら6.3.0と、③ソースファイルではより最新のバージョンの利用が可能ですが、依存関係にある他のパッケージの更新が追いついていない可能性や、作業の煩雑さを考慮し、余程の理由がなければ…



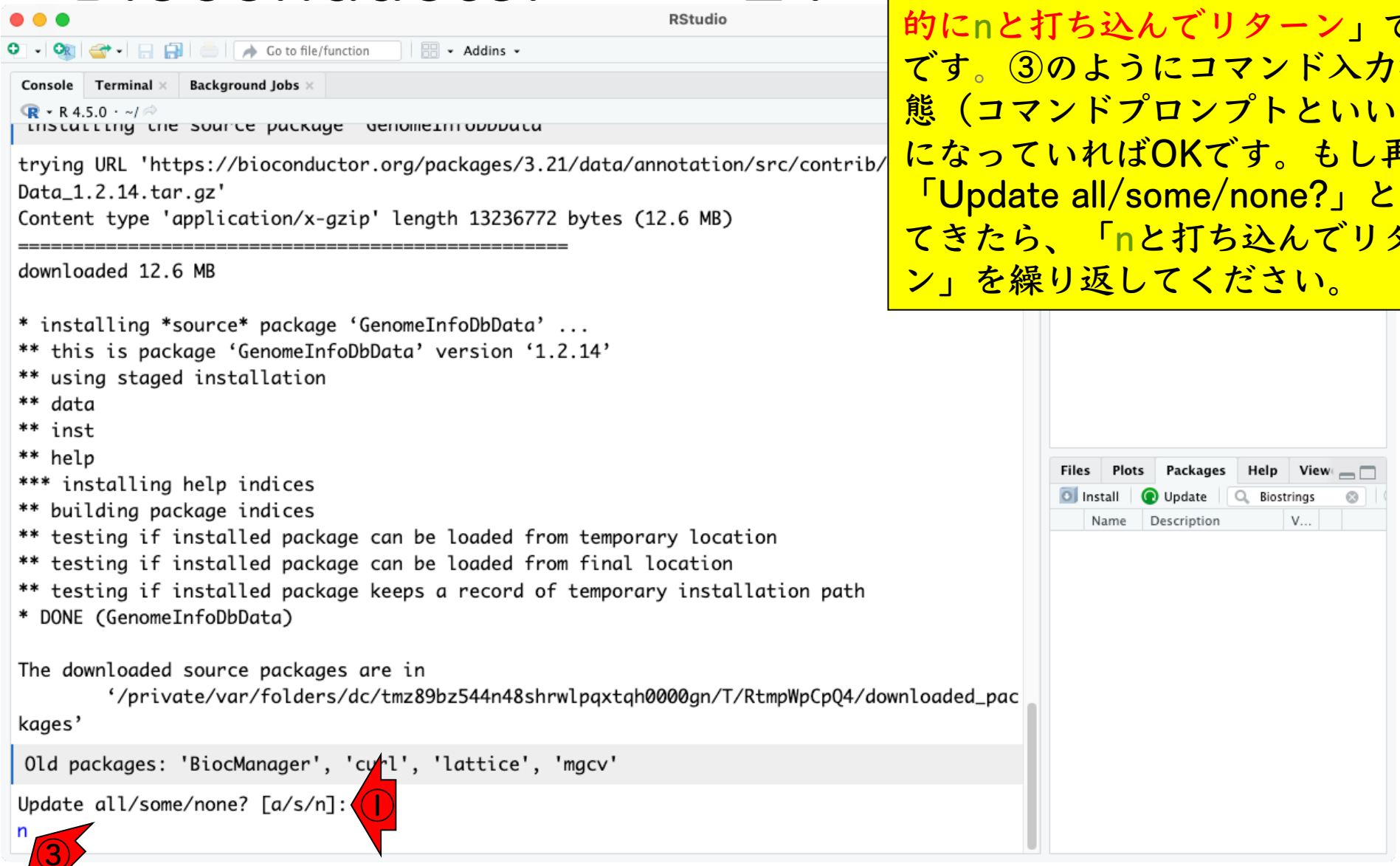
Bioconductorの… 20



途中で①のように「コンパイルが必要なパッケージをソースファイルからインストールするか?」といった質問を受けた場合は、②バイナリファイルでは6.2.3、③ソースファイルなら6.3.0と、③ソースファイルではより最新のバージョンの利用が可能ですが、依存関係にある他のパッケージの更新が追いついていない可能性や、作業の煩雑さを考慮し、余程の理由がなければ…「②基本的にnと打ち込んでリターン」でよいです。

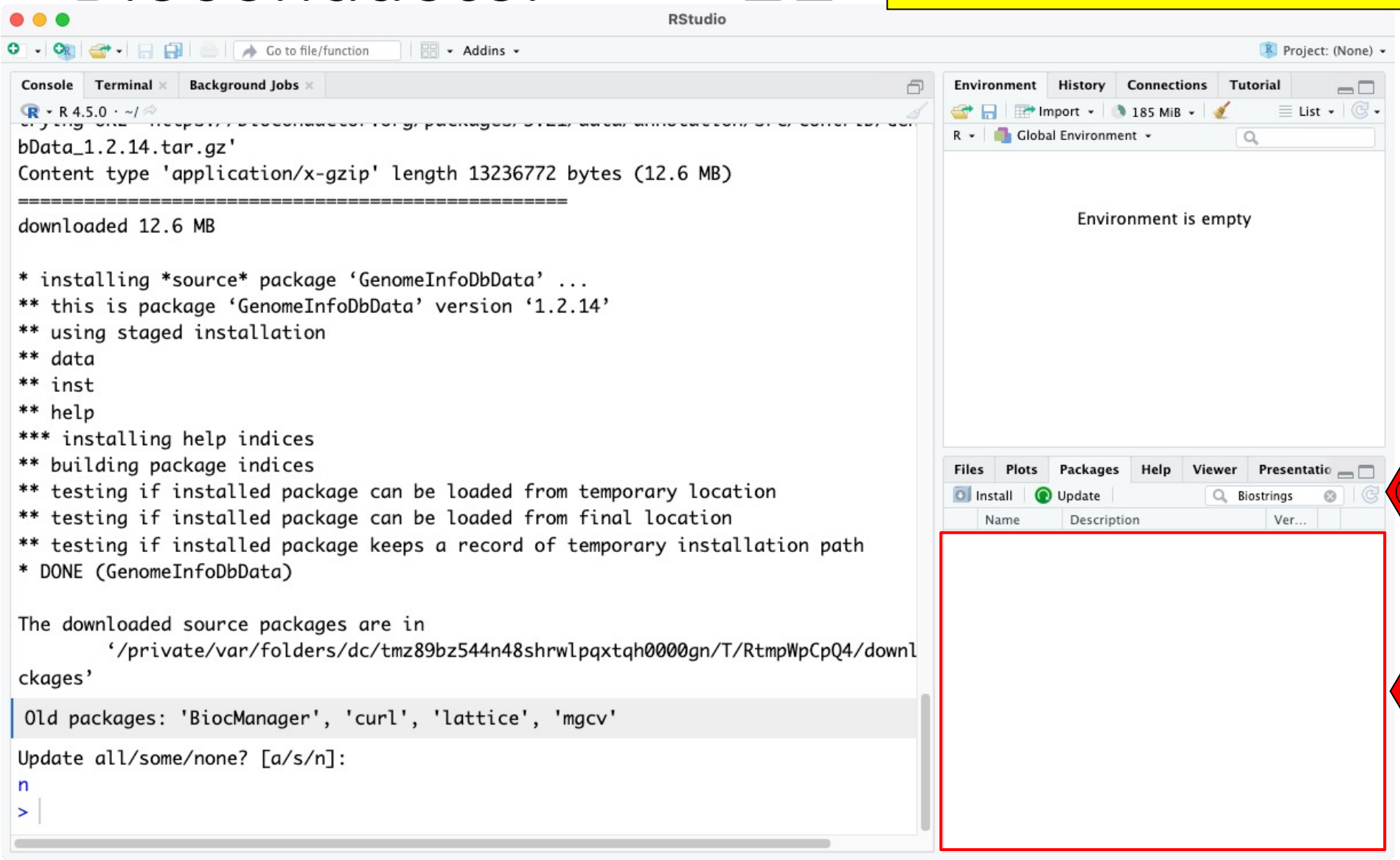
Bioconductorの… 2 I

途中で①のように「アップデートするか?」といった質問を受けた場合は、余程の実害を被らない限り、「②基本的にnと打ち込んでリターン」でよいです。③のようにコマンド入力待ち状態（コマンドプロンプトといいます）になっていればOKです。もし再度「Update all/some/none?」と聞かれてきたら、「nと打ち込んでリターン」を繰り返してください。



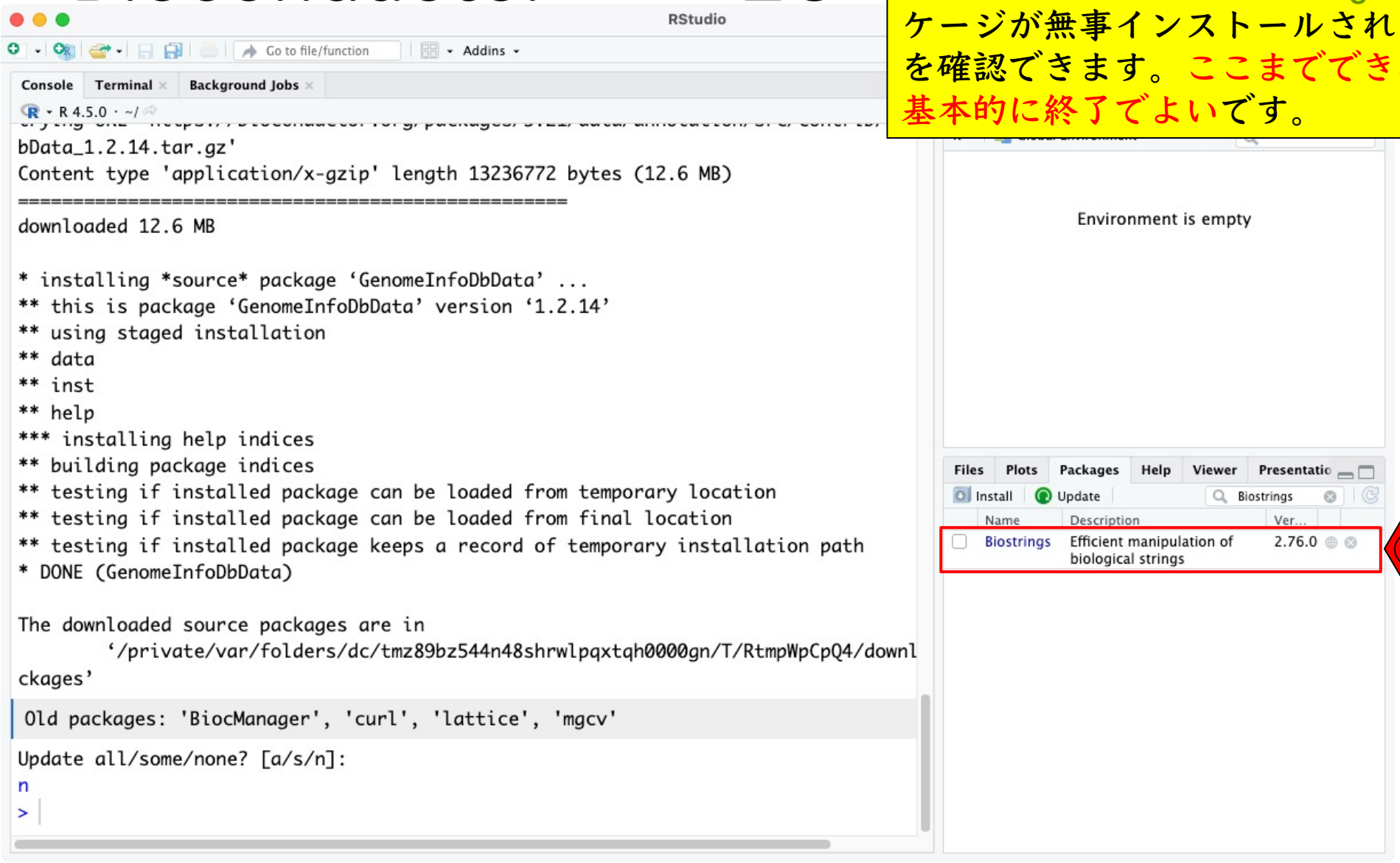
Bioconductorの… 22

もし①赤枠内が何も変化ない場合は、②リロードボタンを押してみてください。



Bioconductorの… 23

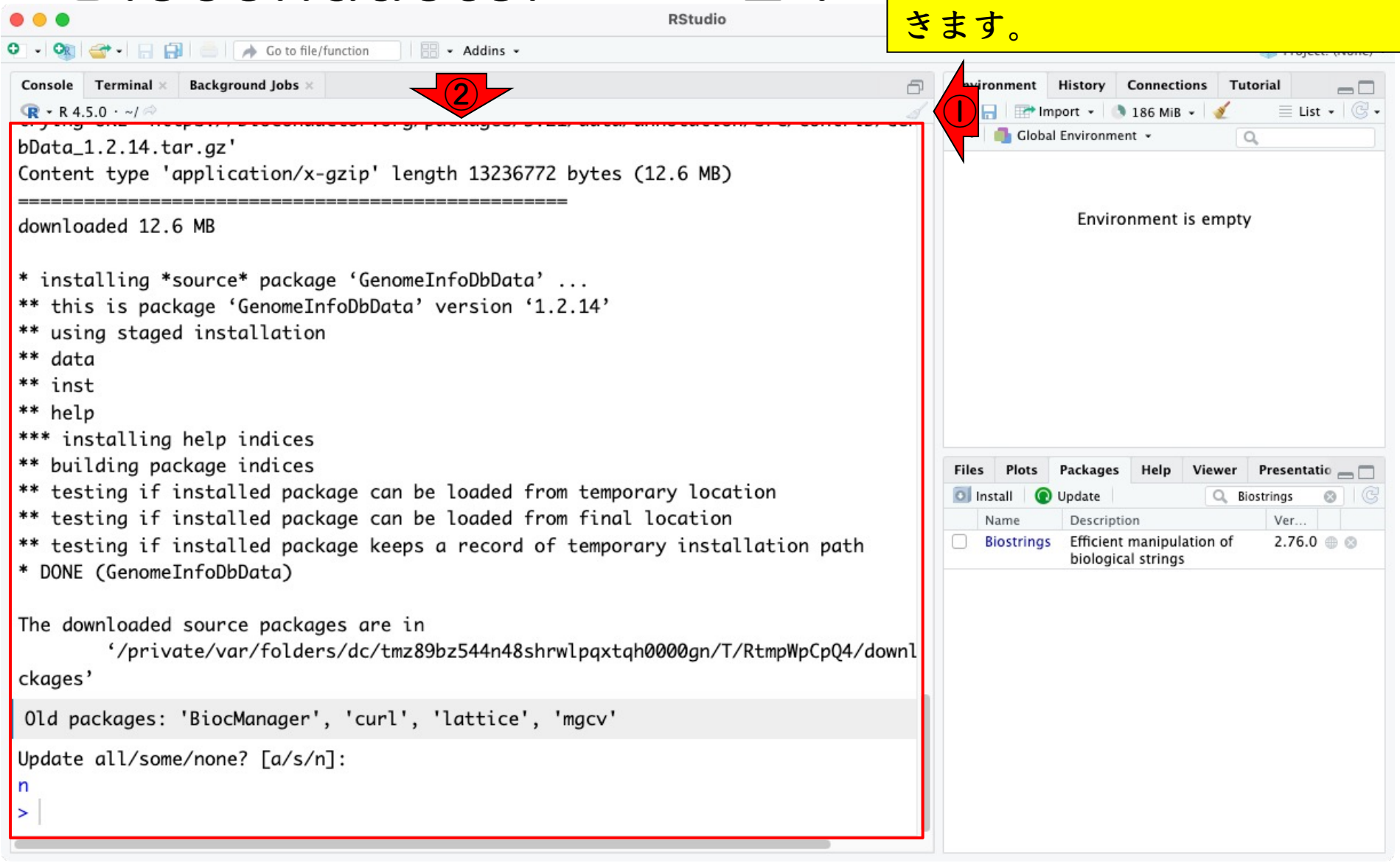
もし①赤枠内が何も変化ない場合は、②リロードボタンを押してみてください。③こんな感じでBiostringsパッケージが無事インストールされたことを確認できます。ここまでできれば、基本的に終了でよいです。



参考

Bioconductorの… 24

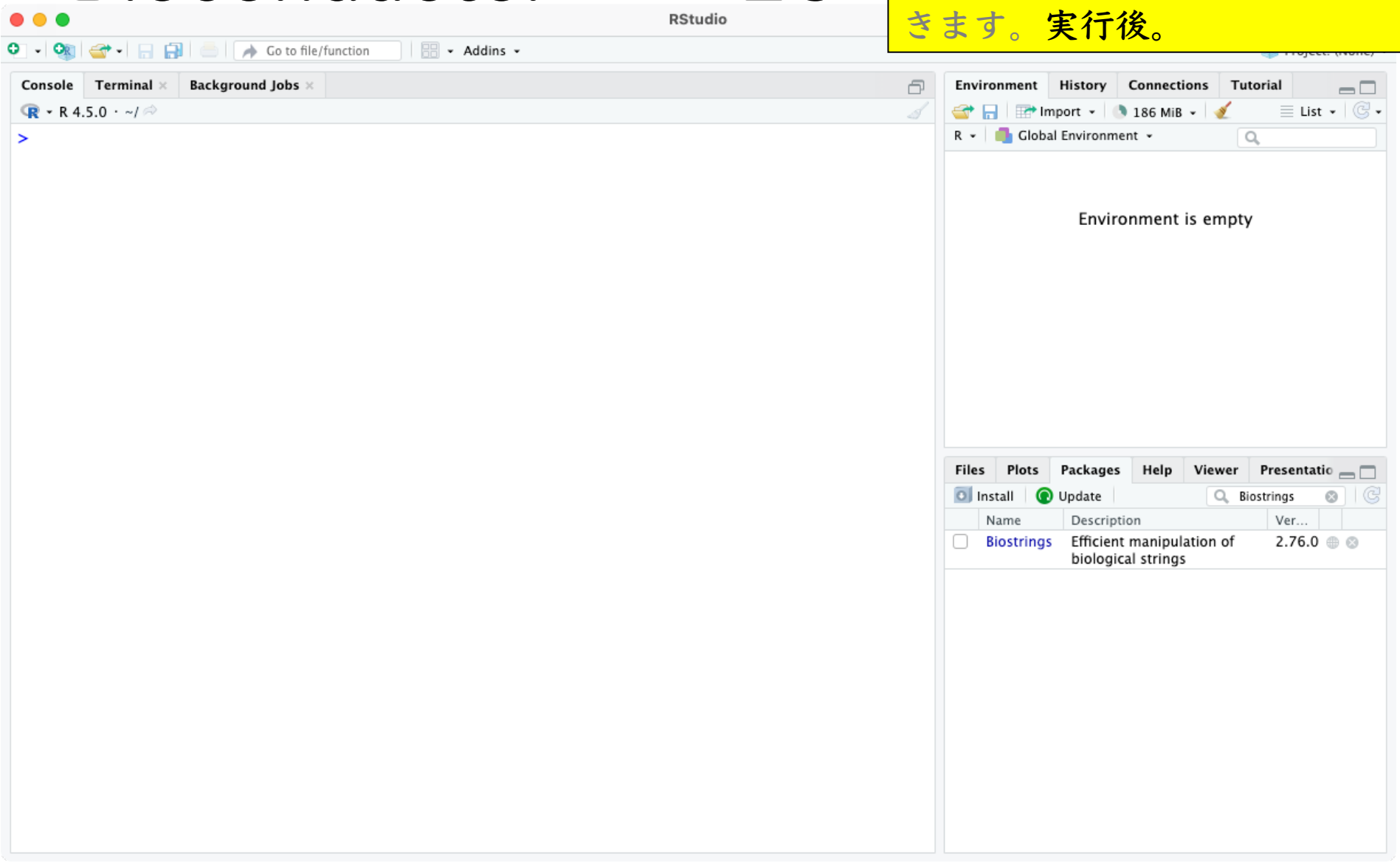
小技として、①のあたりに見えている「ほうきマーク」をクリックすると、②Console画面をクリアすることができます。



参考

Bioconductorの… 25

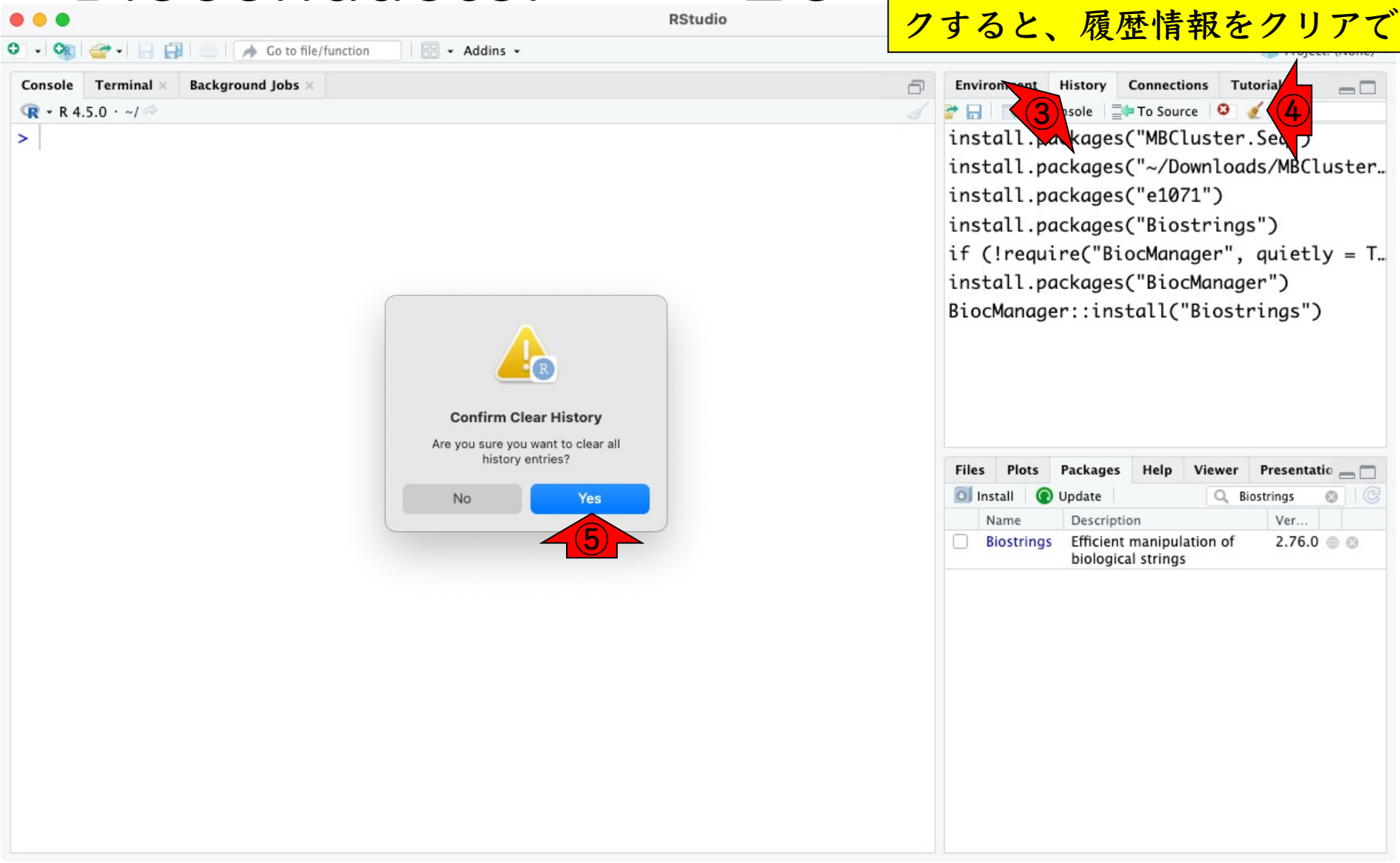
小技として、①のあたりに見えている「ほうきマーク」をクリックすると、②Console画面をクリアすることができます。実行後。



参考

Bioconductorの… 26

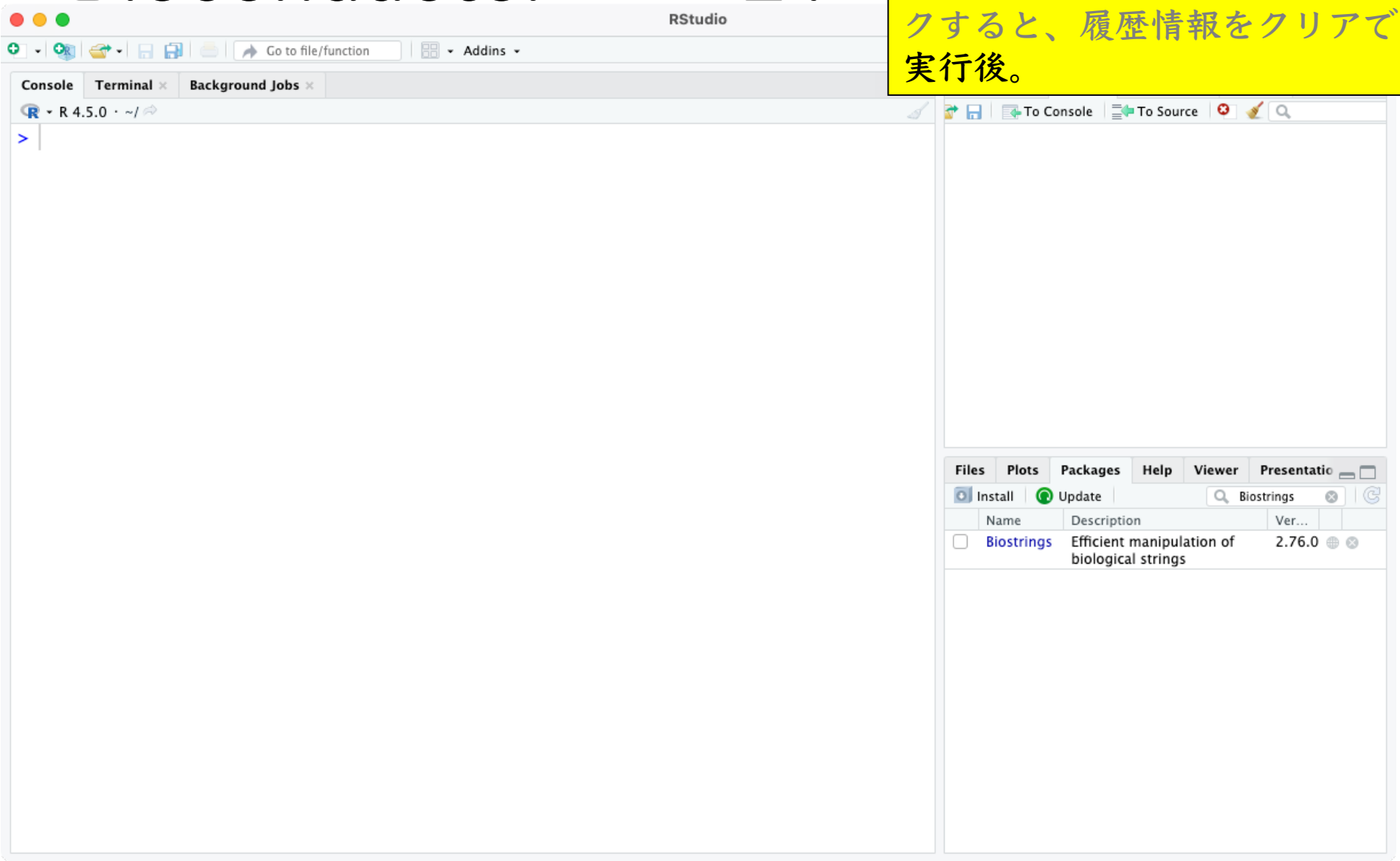
③Historyタブには、これまで実行したコマンドの履歴情報があります。こちらについても、④および⑤をクリックすると、履歴情報をクリアできます。



参考

Bioconductorの… 27

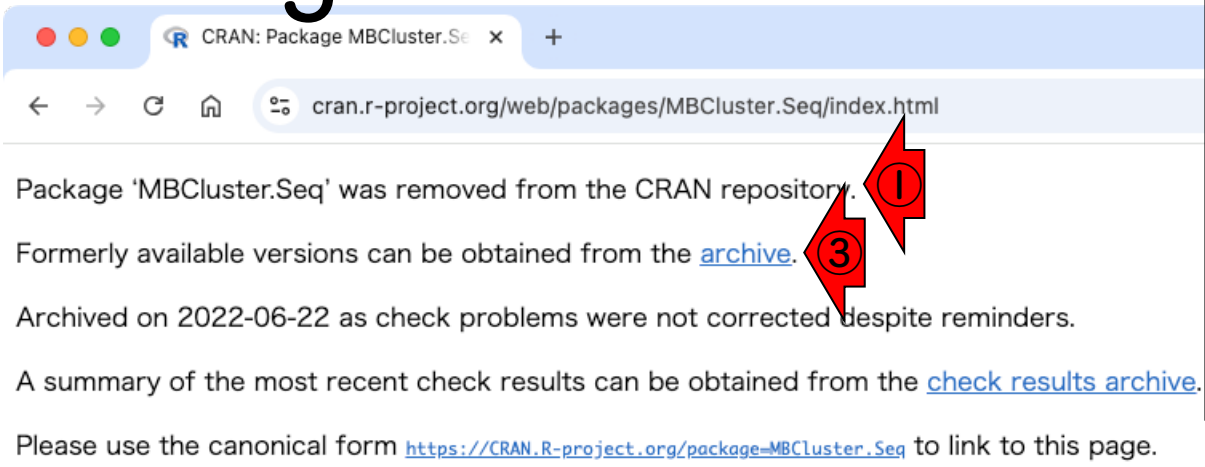
③Historyタブには、これまで実行したコマンドの履歴情報があります。こちらについても、④および⑤をクリックすると、履歴情報をクリアできます。
実行後。



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

.tar.gzファイルの… I

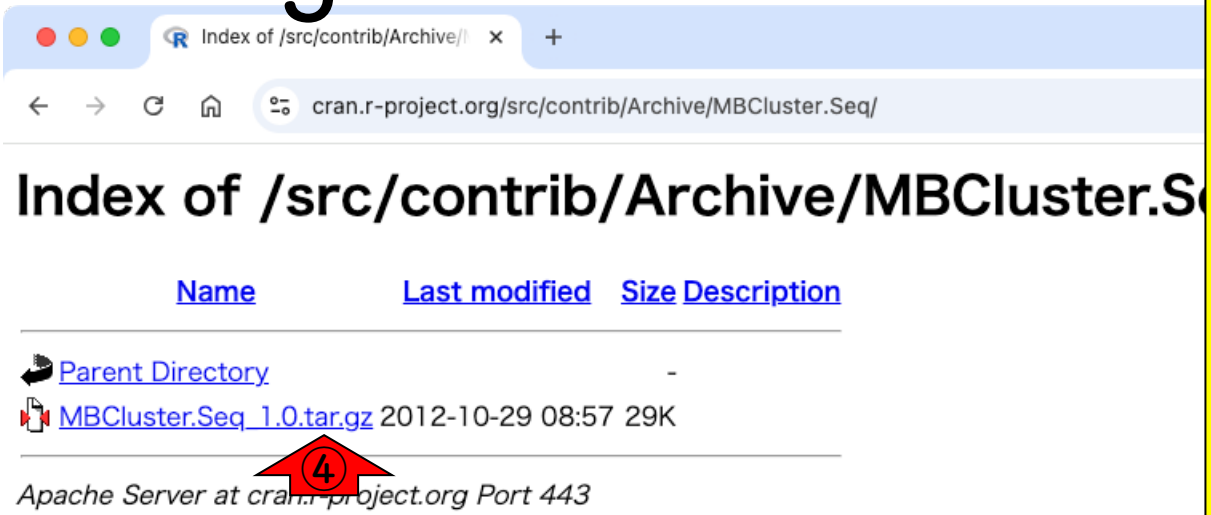


最後に、.tar.gzという拡張子のついた、Rパッケージの圧縮ファイルをダウンロードしておいてからインストールするやり方を示します。ここでは、①現在は削除されているものの、②MBCluster.Seqというかつて CRANから提供されていたパッケージを例として説明します。③のリンク先に、提供されていた当時のファイルがアーカイブ（保管）されています。

②

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

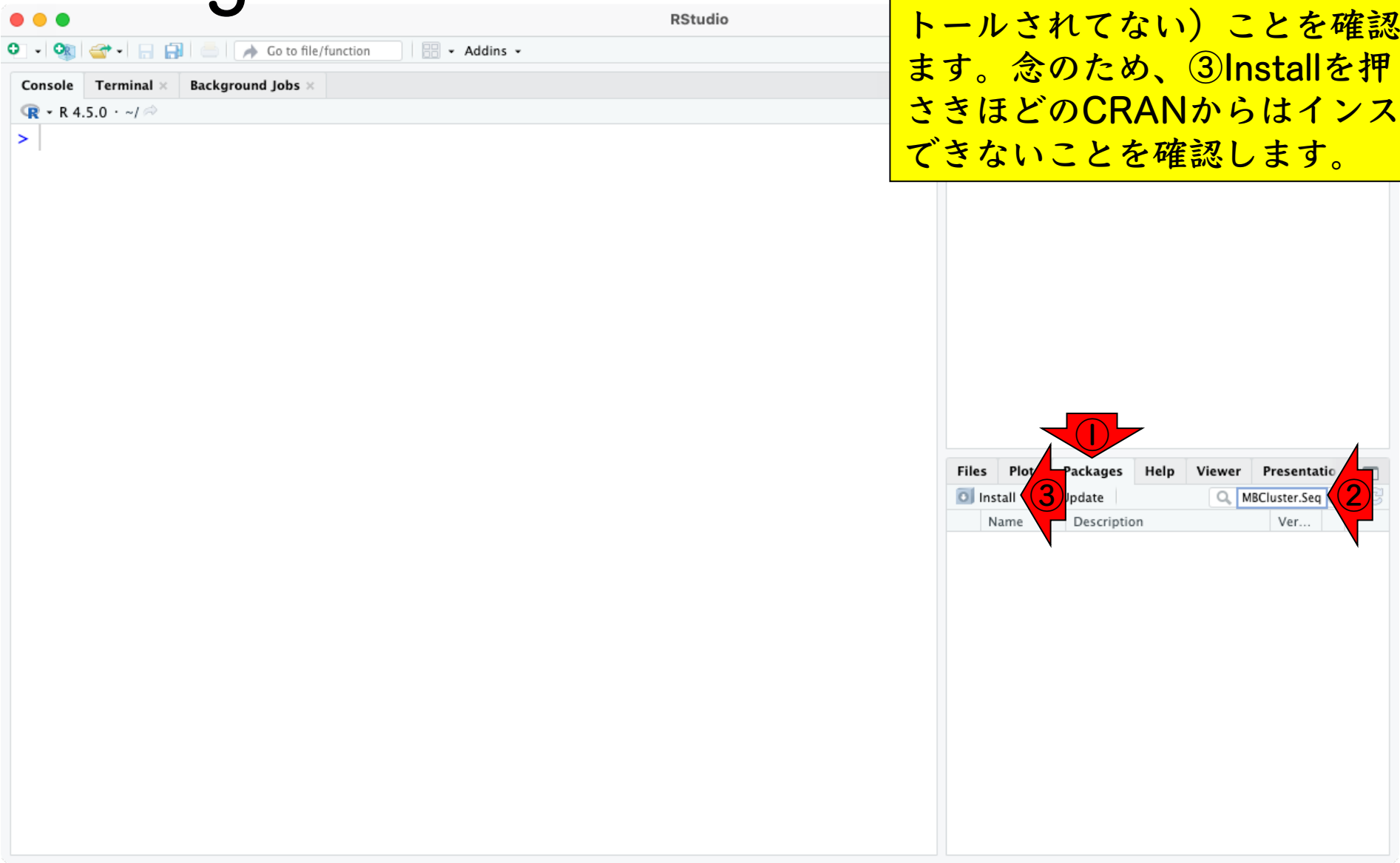
.tar.gzファイルの… 2



最後に、.tar.gzという拡張子のついた、Rパッケージの圧縮ファイルをダウンロードしておいてからインストールするやり方を示します。ここでは、①現在は削除されているものの、②MBCluster.Seqというかつて CRANから提供されていたパッケージを例として説明します。③のリンク先に、提供されていた当時のファイルがアーカイブ（保管）されています。こんな感じになるので、④tar.gzファイルをダウンロードします。（この例ではダウンロードフォルダに保存しました。）

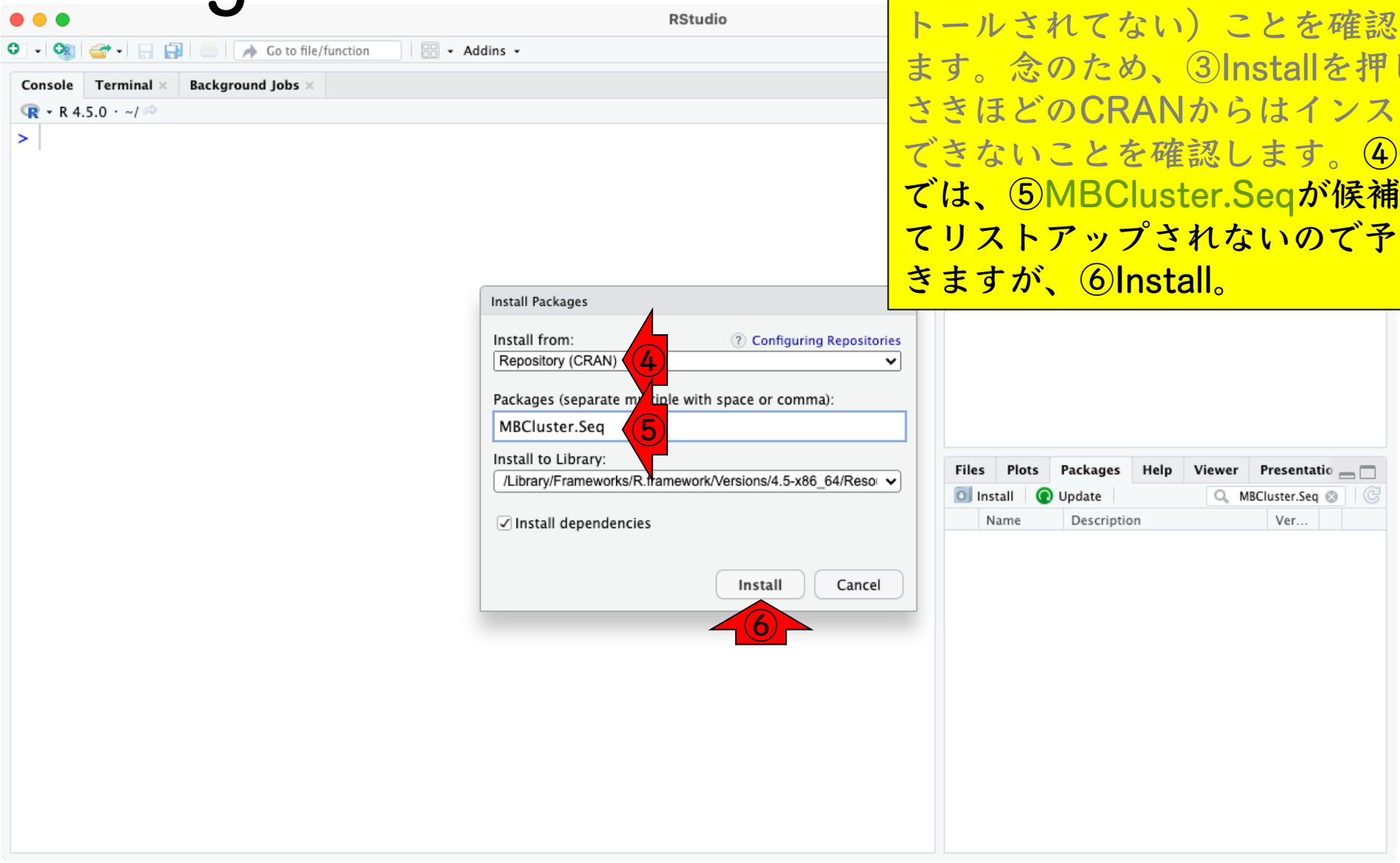
.tar.gzファイルの… 3

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



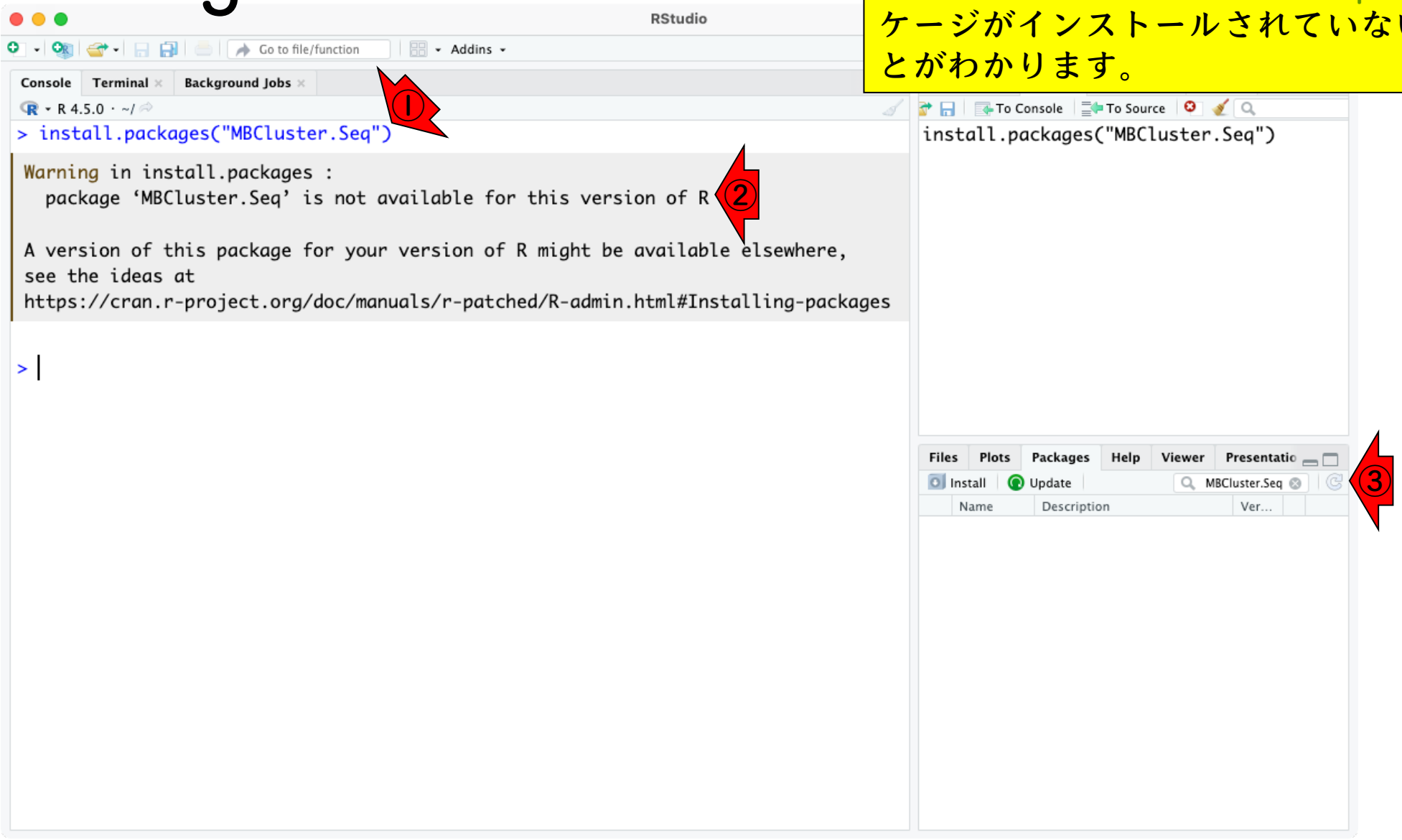
.tar.gzファイルの… 4

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



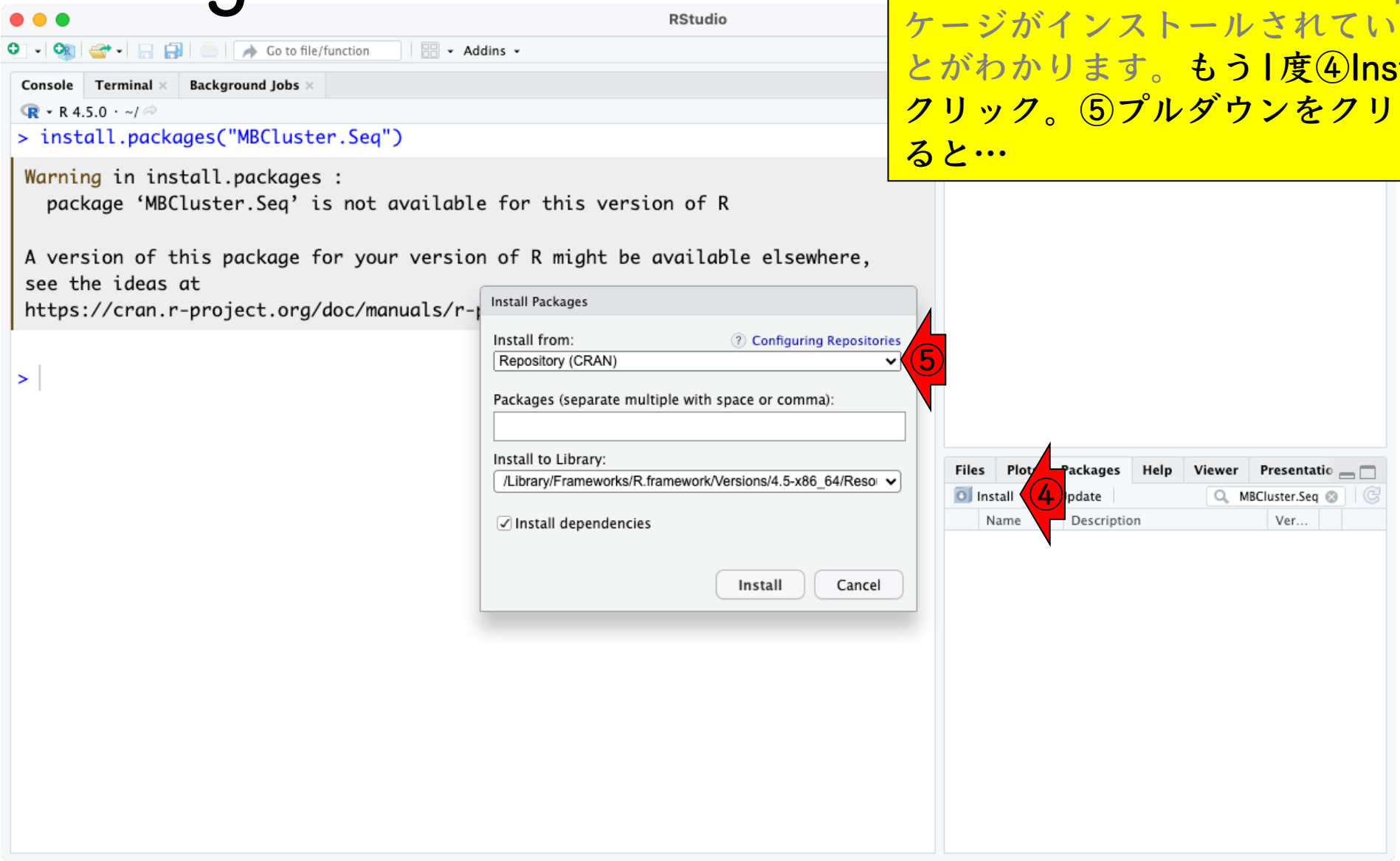
.tar.gzファイルの… 5

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



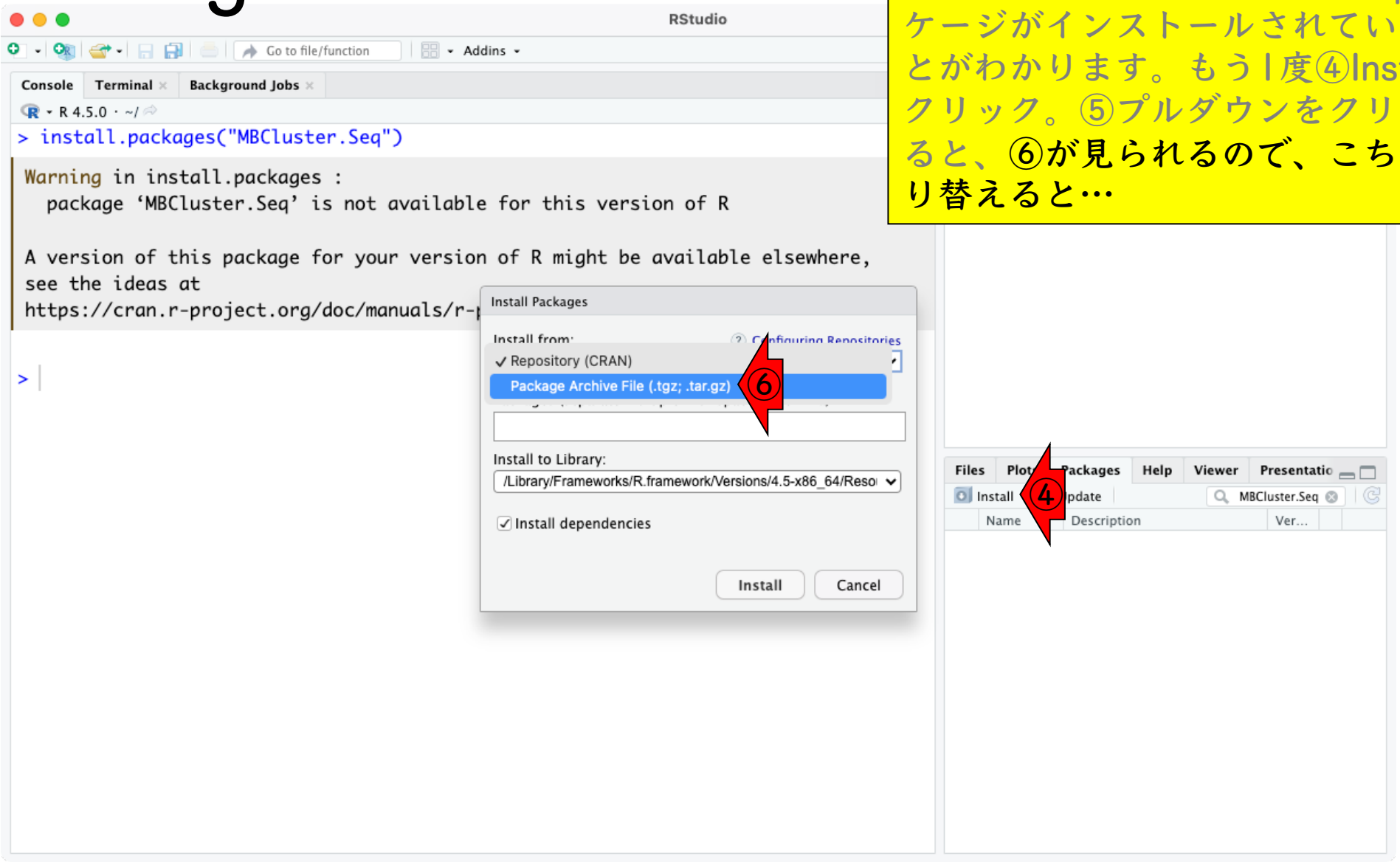
.tar.gzファイルの… 6

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



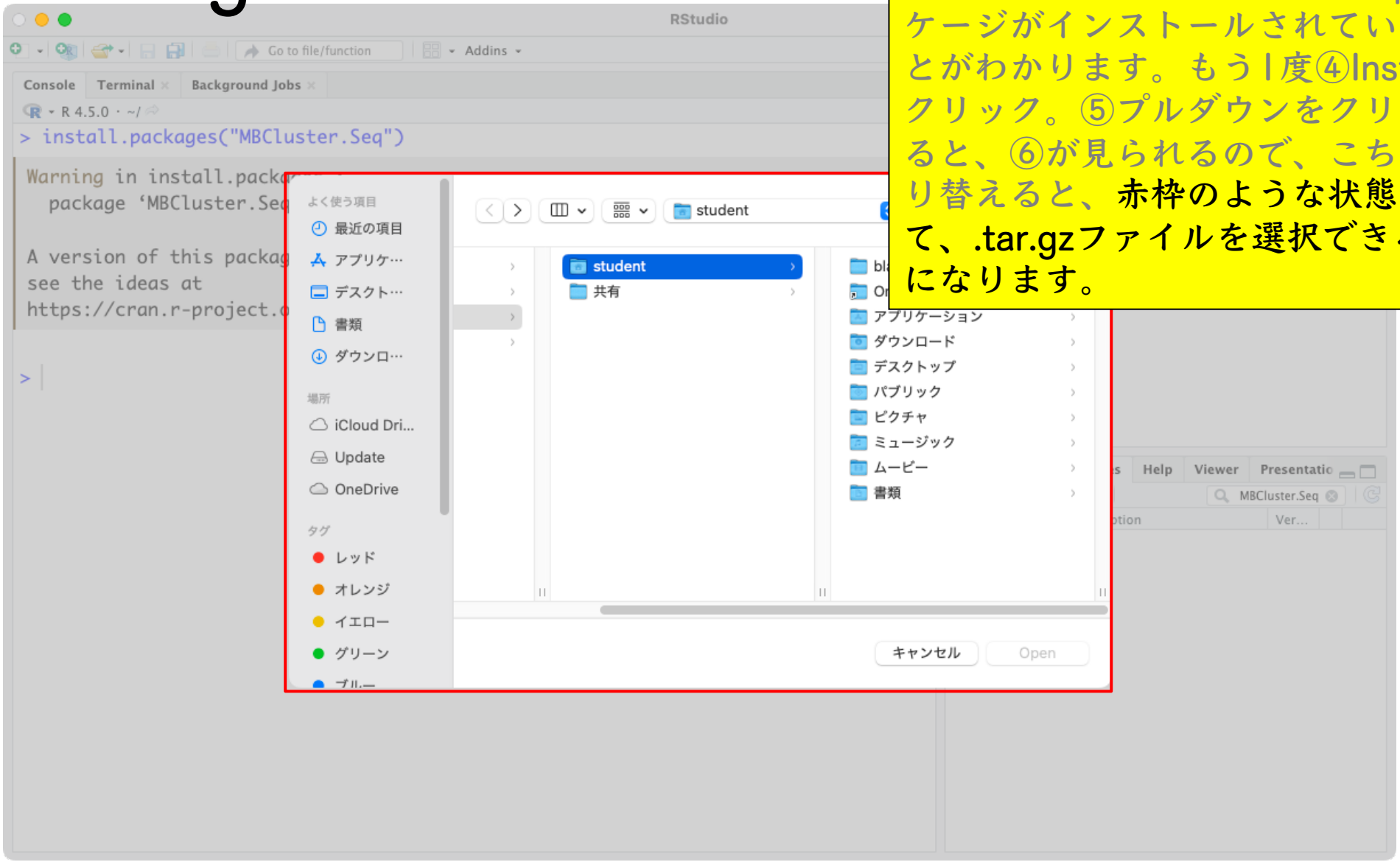
.tar.gzファイルの… 7

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



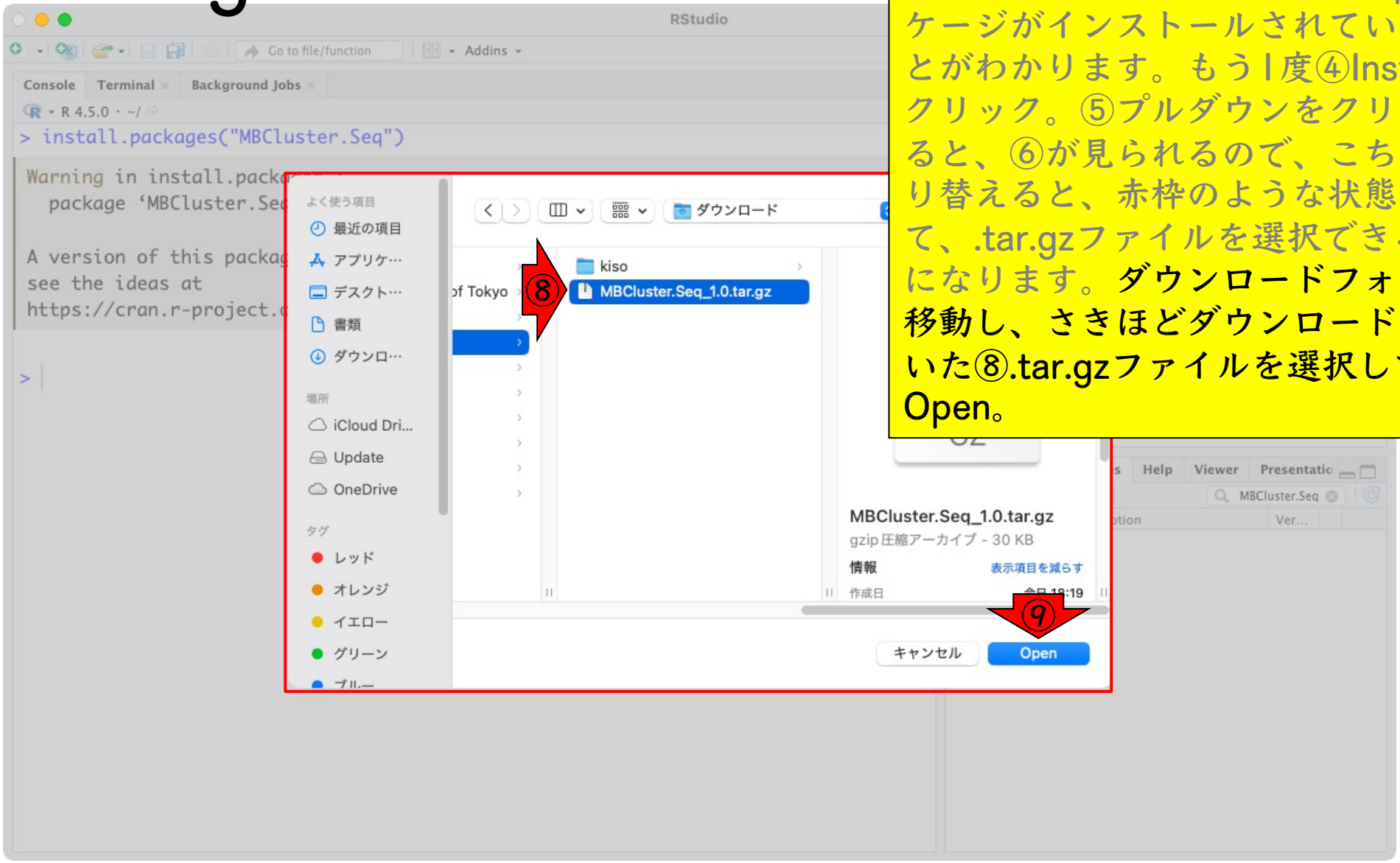
.tar.gzファイルの… 8

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



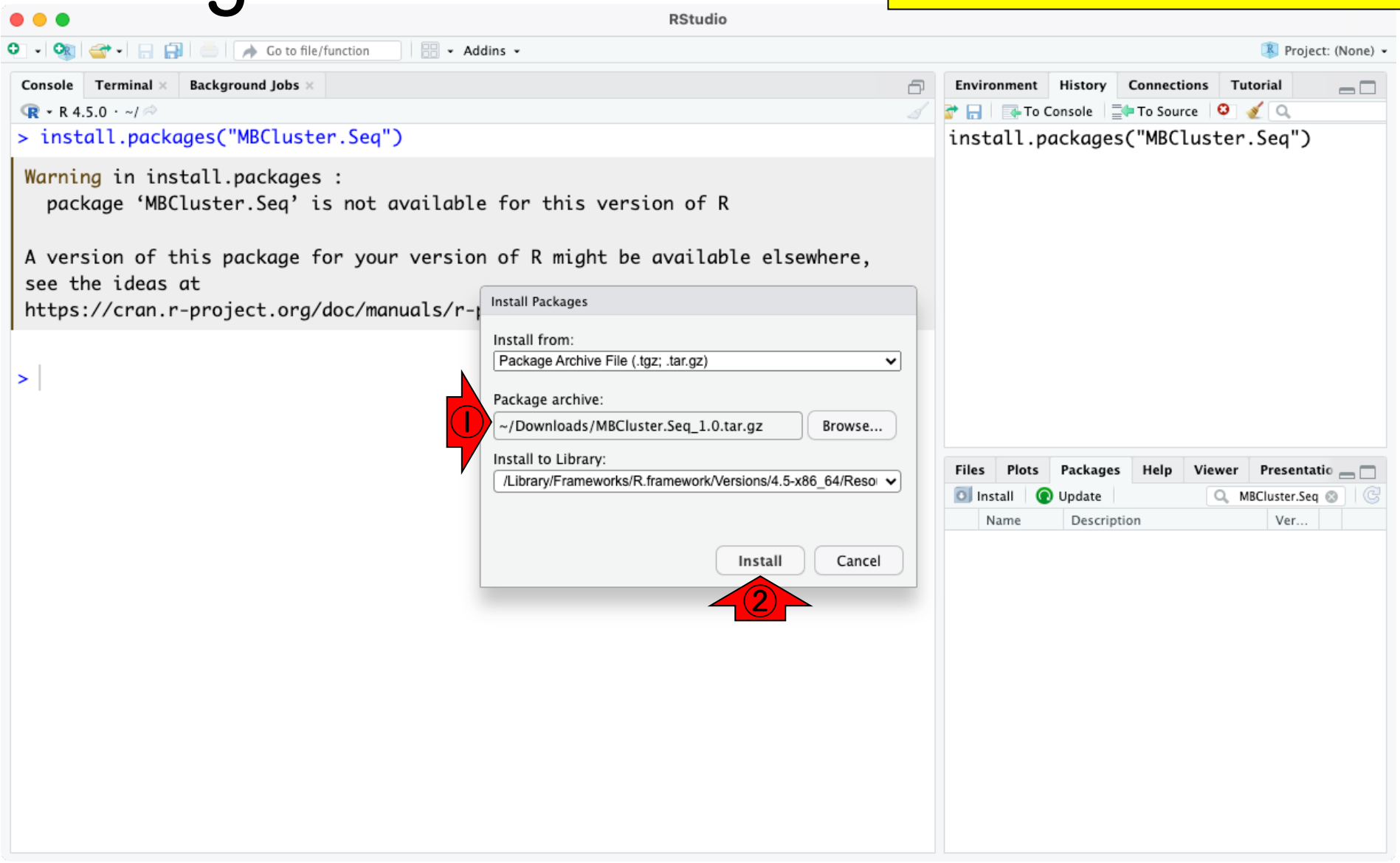
.tar.gzファイルの… 9

①のコマンドが実行されましたが、②not availableからもわかるように、③リロードしてもMBCluster.Seqパッケージがインストールされていないことがわかります。もう1度④Installをクリック。⑤プルダウンをクリックすると、⑥が見られるので、こちらに切り替えると、赤枠のような状態になって、.tar.gzファイルを選択できる状態になります。ダウンロードフォルダに移動し、さきほどダウンロードしておいた⑧.tar.gzファイルを選択して、⑨Open。



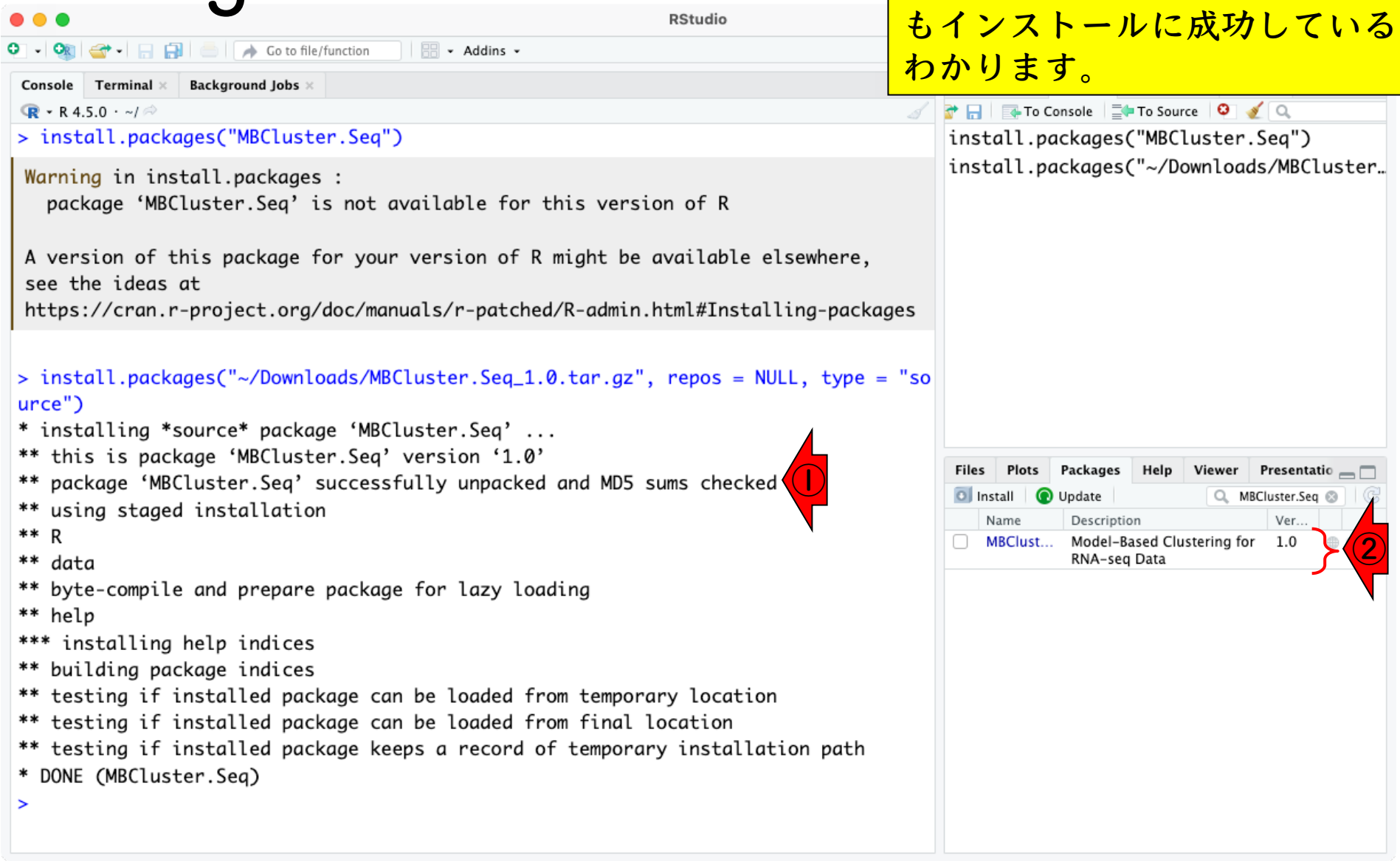
.tar.gzファイルの… 10

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



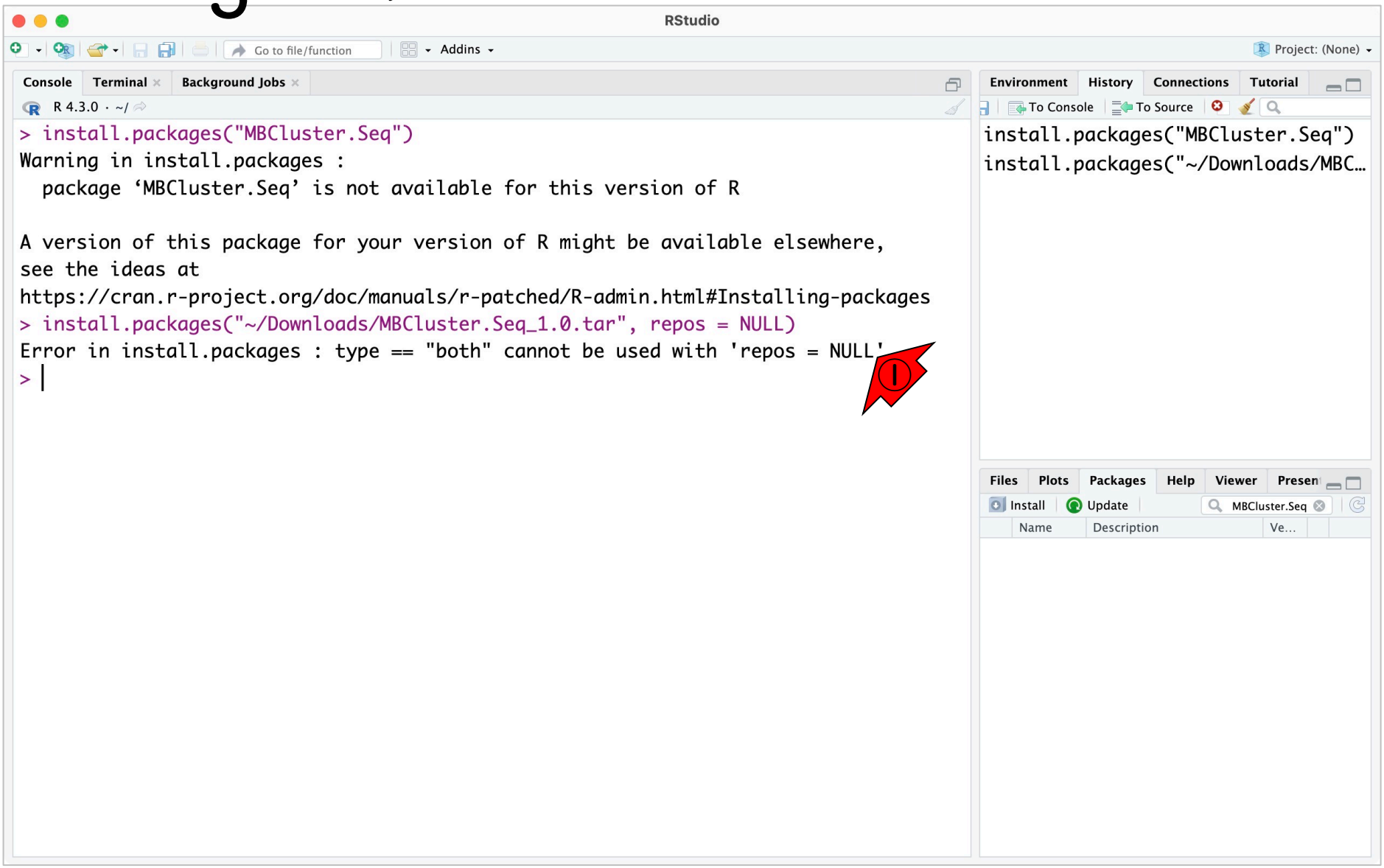
.tar.gzファイルの… II

①のあたりのsuccessfullyという単語や、②でMBCluster.Seqパッケージが見られる状態になっていることからもインストールに成功していることがわかります。



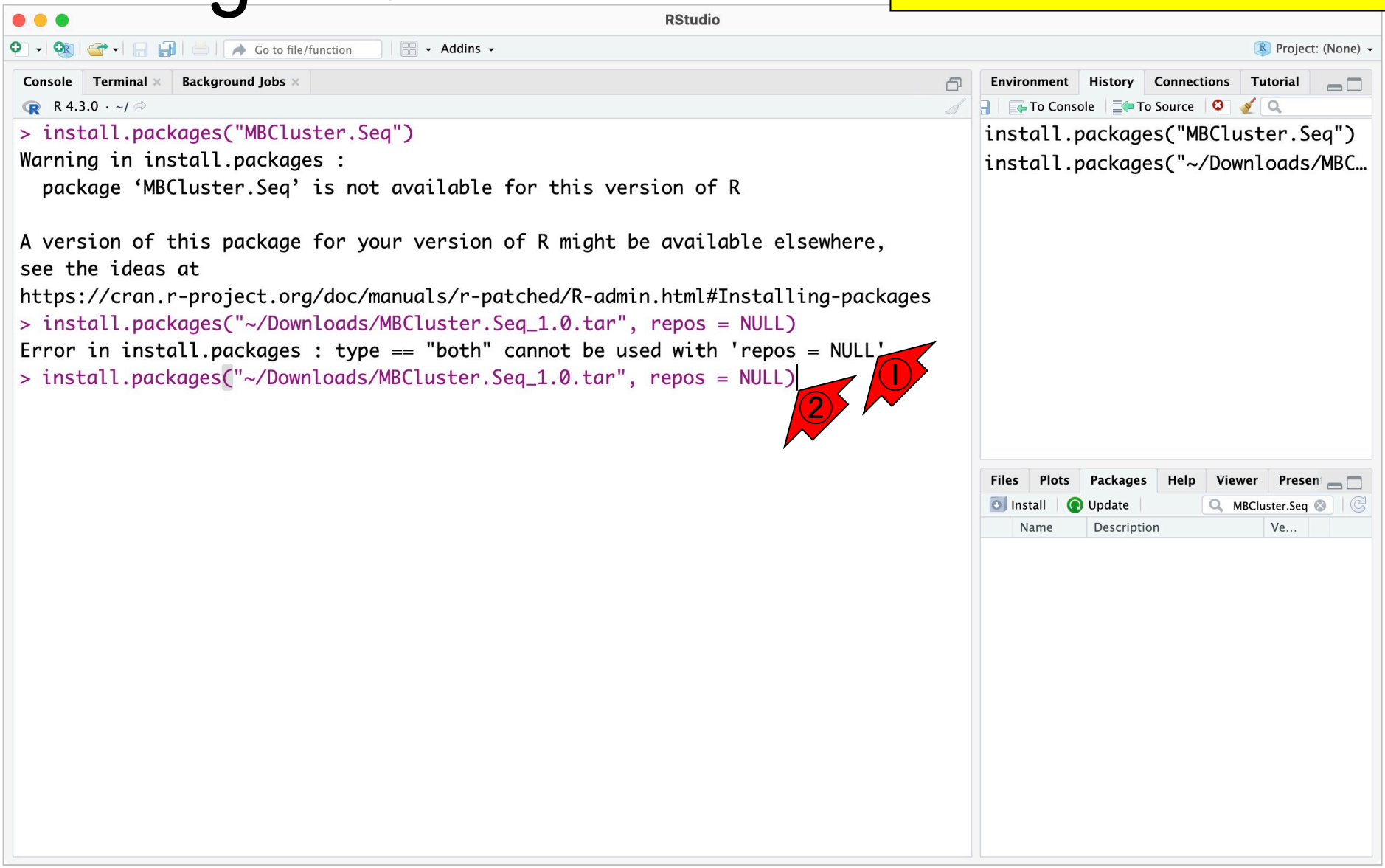
.tar.gzファイルの… 12

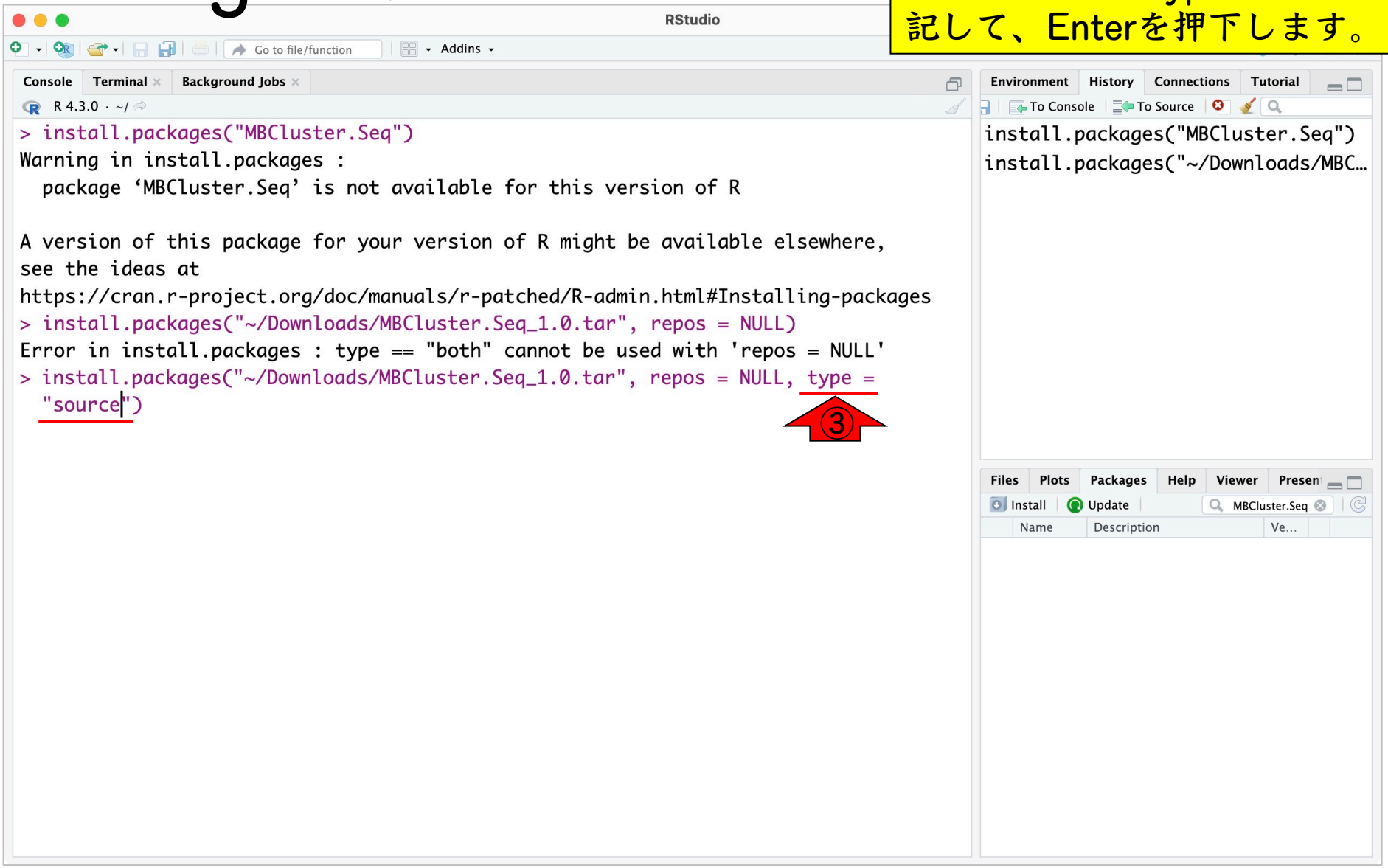
①のようにエラーになってしまった場合は、、



.tar.gzファイルの… 13

①のようにエラーになってしまった場合は、②上矢印↑を押下して直前の入力を表示し、、



.tar.gzファイルの… 14

①のようにエラーになってしまった場合は、②上矢印↑を押下して直前の入力を表示し、③type = “source”を追記して、Enterを押下します。