

A zip-pelt állományt töltsse le és csomagolja ki! Az RGui 'File' menüjének 'Change dir...' menüpontjával állítsa be munkakönyvtárnak a kódokat tartalmazó könyvtárat! A 'File' menü 'Open script...' menüpontjával töltsse be az adott fejezethez tartozó állományt (az állomány elnevezése tartalmazza a fejezet sorszámát)! A kódon végighaladva az F5 vagy ctrl-R vagy jobb egérgomb segítségével futtassa a kódokat!

Az állományokban a könyvben található összes példa és olyan ábra kódját megtalálja, amelyek használata fontos lehet. Ha olyan ábrára lenne szüksége - például oktatási célból -, amelynek kódját nem közöltük, küldjön egy emailt a biostatkonyv@gmail.com címre, és a kért ábrát pdf formátumban megküldjük (a szemléltető ábrák jó része részben Latex-ben készült).

Előfordulhat, hogy a kódok alapján készített ábrák nem egyeznek meg teljesen a könyvben közölt ábrákkal. Ennek elsősorban nyomdatechnikai okai vannak. A kódokban a lehető legegyszerűbb beállításokat alkalmaztuk a könnyebb érthetőség kedvéért. A könyvben található ábrák esetén az olyan formázásokat mint, hogy ne legyen keret az ábra körül, vagy a tengelycímkék vízszintesen álljanak, a következő kóddal állítottuk be (az egyes paraméterek jelentését lásd a `par()` függvény sűgójában (`?par`):

```
op <- par(las=1, omi=c(0,0,0,0), mar=c(4, 4, 0, 1) + 0.1, bty='l',  
cex=1.2)
```

ábrakészítő kód

```
par(op)
```

Az is előfordulhat, hogy a tizedesjegyek száma nem egyezik meg azzal, amit a könyvben közöltünk. Ezt az `options(digits=)` függvényhívással állíthatjuk be.

Az `errorbars.R` és `tk.adjust.R` állományok elején rövid angol nyelvű leírást találhat a megfelelő függvények használatához.