

Kedves Hallgatók!

A következő héten, 10.25-én az előadást és a gyakorlatot is vendégelőadóink Ortutay Csaba PhD. fogja tartani filogenetika témában. A gyakorlaton az „R” statisztikai programcsomagot fogjuk használni, ezért kérjük, hogy lehetőség szerint mindenki tegye fel ezt gépére a "seqinr" és "ape" csomagokkal együtt.

Segítség:

Linux alatt:

- Az R csomagkezelőből (pl. yast) feltehető, vagy ízlés szerint valamelyik alábbi parancssoros megoldással rendszertől függően:

```
'sudo apt-get -y install r-base'
```

```
'sudo zypper install R'
```

- Az 'R' parancs kiadása után az R promptnál ezeket írjuk be:

```
install.packages("seqinr")
```

```
install.packages("ape")
```

(Választani kell majd mirrort, és érdemes lehet az R-t a 'sudo R' paranccsal elindítani, hogy legeyn jogosultságunk a telepítéshez).

- Kilépés: q()

Windows alatt:

- R letöltése:

<http://cran.rapporter.net/>

operációs rendszer választása

install R for the first time pont választása

download R for windows

követni a telepítési utasításokat

unpack in library dictionary

-Rstudio: R fejlesztő környezet (nem kötelező, de hasznos lehet)

<https://www.rstudio.com/products/rstudio/download/>

Installers közül választ

követni a telepítési utasításokat (oda telepítsd, a hol az R is van)

-install packages: az alábbi parancsokkal lehet

mirrort választ letöltéshez

```
install.packages("seqinr")
```

```
install.packages("ape")
```

(csomagok elérhetősége, ha valami nem menne:

seqinr: <https://cran.r-project.org/web/packages/seqinr/index.html>

ape: <https://cran.r-project.org/web/packages/ape/index.html> )

Akinek ez nem megy, azoknak korlátozott mértékben fel tudunk ajánlani egy egyetemi (linuxos) gépet, amire belépve elvégezhetik a szükséges műveleteket, erről az órán adunk bővebb infót.

Üdvözlettel:

A gyakorlatvezetők