

# TUTORIAL



Rbio: Biometria no R<sup>1</sup>

---

<sup>1</sup> Autor: Leonardo Lopes Bhering; e-mail: [leonardo.bhering@ufv.br](mailto:leonardo.bhering@ufv.br)

Rbio: A tool for biometric and statistical analysis using the R platform. Crop Breeding and Applied Biotechnology, 17: 187-190, 2017. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332017v17n2s29>

## **PORTUGUES**

Introdução .....	4
Instalação e Atualização .....	4
O Software Rbio.....	6
1. Exemplo .....	7
2. Abrir (arquivo de dados).....	7
3. Informações complementares.....	8
4. Arquivo de saída .....	8
5. Processar .....	8
6. Abrir arquivo.....	8
7. Ver Script .....	10
8. Instalar pacote .....	10
9. Opções de análises .....	11
10. Processar (análises opcionais) .....	11
11. Trilha do R .....	11
12. Integração com Microsoft Office.....	11

## **ENGLISH**

Introduction.....	12
Setup and Update.....	12
The Rbio Program .....	14
1. Example .....	15
2. Open (input) .....	15
3. Additional information .....	16
4. Output file.....	16
5. Run.....	16
6. Open file .....	16
7. View Script.....	18
8. Install package .....	18
9. Analysis Options .....	19
10. Run (optional analyses) .....	19
11. Path to R .....	19
12. Integration with Microsoft Office.....	19



## ESPAÑOL

Introducción .....	20
Instalación y Actualización .....	20
El Programa Rbio .....	22
1. Ejemplo.....	23
2. Abrir (archivo de datos).....	23
3. Informaciones complementarias.....	24
4. Archivo de salida.....	24
5. Procesar.....	24
6. Abrir archivo .....	24
7. Ver Script .....	26
8. Instalar paquete.....	26
9. Opciones de análisis .....	27
10. Procesar (análisis opcionales).....	27
11. Ruta a R.....	27
12. Integración con Microsoft Office.....	27

# TUTORIAL Rbio - PORTUGUES

---

## Introdução

O software Rbio é um software gratuito desenvolvido pelo Prof. Leonardo Lopes Bhering (<http://lattes.cnpq.br/0174372765974716>) da Universidade Federal de Viçosa UFV. Teve seu início em agosto de 2016 e sua primeira versão lançada em outubro de 2016. Quaisquer dúvidas e questionamentos podem ser tirados junto ao e-mail: [leonardo.bhering@ufv.br](mailto:leonardo.bhering@ufv.br).

Trata-se de um software gratuito, portanto, sua distribuição e instalação podem ser realizadas por qualquer pessoa, sem necessidade de autorização prévia para isso, desde que tenham o Sistema Operacional Windows em seu computador.

É um software que utiliza o software R (<https://www.r-project.org>) como núcleo, necessitando deste instalado no computador para que as análises do Rbio sejam processadas. Sendo assim, a maioria dos scripts internos do Rbio, são rotinas que utilizam o R para processamento. O software R por sua vez é um software código fonte aberto e gratuito. Portanto o conjunto Rbio + R podem ser usados por todos usuários que possuam sistema operacional Windows.

O download e atualização do Rbio são feitas via site [www.biometria.ufv.br](http://www.biometria.ufv.br), que é o site do laboratório de biometria da UFV onde, em parceria com demais laboratórios pertencentes a rede Biodata (<http://www.ufv.br/dbg/biodata.htm>), foi desenvolvido o aplicativo.

O software é de fácil utilização, contendo exemplos para todas as análises que são possíveis de serem realizadas. Além disso, o usuário tem a opção de ver os Scripts utilizados, fazendo com que seja possível editar os scripts do programa obtendo assim um script personalizado para cada usuário, tornando-o um programa diferente, sendo uma excelente ferramenta para ensino de programação no R, uma vez que várias funções, loops, carregamentos de pacote, impressão de textos e outras estratégias são usadas para os procedimentos. Realiza ainda análises biométricas úteis em programas de melhoramento, ecologia, e outras áreas das ciências agrárias e biológicas.

## Instalação e Atualização

Para Atualização do Rbio já existente no computador, deve-se inicialmente desinstalar a versão anterior. Para isso vá em painel de controle - Adicionar e Remover programas. Selecione o software Rbio que será desinstalado. A partir daí basta seguir os passos a seguir para a nova instalação.

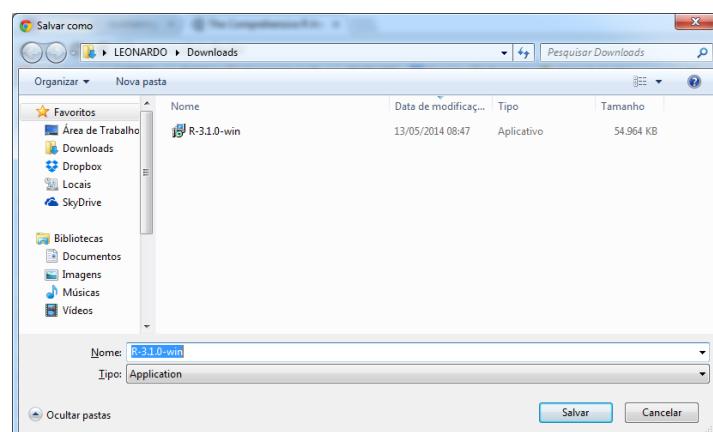
Para instalação do Rbio deve-se seguir os passos descritos a seguir:

- Passo1: Baixar o R
- Passo2: Instalar o R
- Passo3: Baixar o Rbio
- Passo4: Instalar o Rbio

Para usuários que já possuam o R instalado no computador não é necessário baixar novamente, podendo proceder os passos 3 e 4.

### Passo1: Baixar o R

O download do R (aproximadamente 70mb) é realizado na pagina oficial do Projeto R, através do link: <https://cran.r-project.org/mirrors.html>, onde pode selecionar a URL do seu país. Selecione "Download R for Windows" e logo em "install R for the first time", para descarregar a versão mais recente de R. Assim que clicado no



link uma janela irá se abrir, para que o arquivo contendo o R seja salvo.

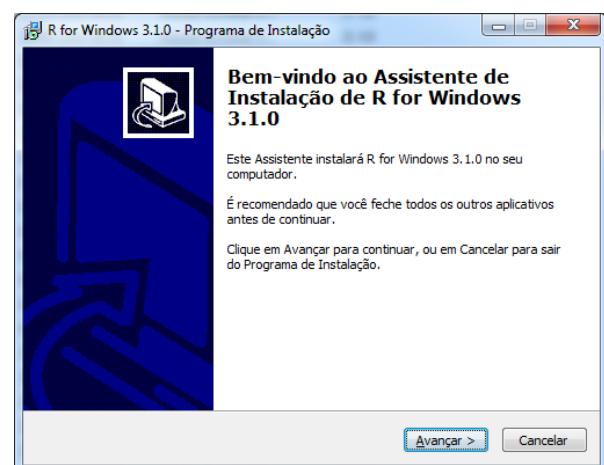
## Passo2: Instalação do R

Para instalação do R basta o usuário seguir os passos sugeridos como default do programa. Na figura abaixo está a tela inicial do processo de instalação do R versão 3.1.0.

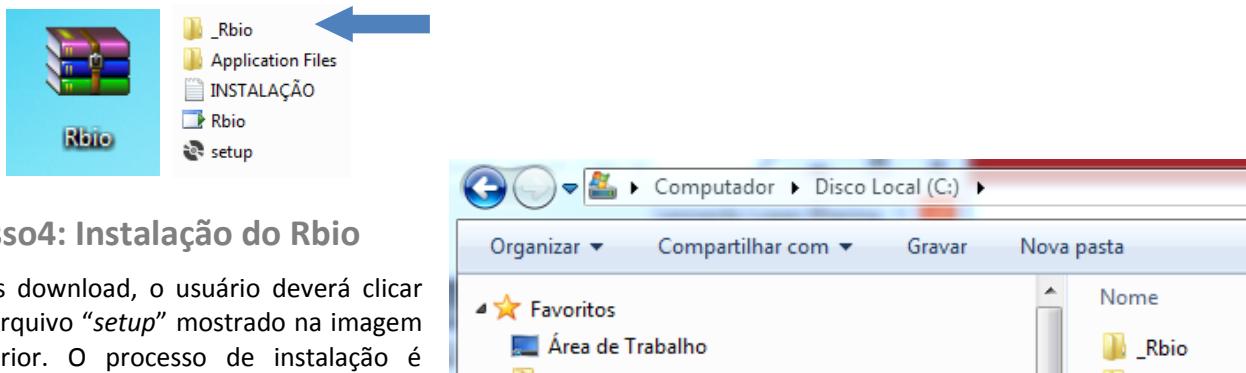
## Passo3: Baixar o Rbio

O download do Rbio (aproximadamente 2.5mb) é realizado através do link:

<http://www.biometria.ufv.br/wp-content/uploads/Rbio.rar>



O usuário baixará o arquivo Rbio.rar , que deverá ter seus arquivos extraídos após o download. Uma vez extraído existirão os seguintes arquivos:



## Passo4: Instalação do Rbio

Após download, o usuário deverá clicar no arquivo “setup” mostrado na imagem anterior. O processo de instalação é rápido. O usuário deverá ainda copiar para o “c:\” a pasta: \_Rbio

Desta forma ficará:

Esta pasta \_Rbio contém os arquivos exemplos que o software usará, além de uma pasta “Output” que estará vazia, mas o usuário **não** deve deletá-la pois esta receberá arquivos durante o processamento das análises.

Seguido estes 4 passos o Rbio estará instalado em seu computador e já poderá ser utilizado.

Uma observação importante é que caso aconteça no processo de instalação aparecer uma mensagem de erro informando que não foi possível encontrar o arquivo “c:\ program files|R” é sinal que o usuário não possui o R instalado no computador. Esta mensagem pode

Nome	Data de modificação...	Tipo	Tamanho
Output	29/10/2016 13:52	Pasta de arquivos	
dados	20/09/2016 15:24	Documento de Texto	1 KB
dados2	16/09/2016 18:41	Documento de Texto	5 KB
dadoscorrel	29/09/2016 11:09	Documento de Texto	2 KB
dadosD1	30/09/2016 13:38	Documento de Texto	1 KB
dadosD2	30/09/2016 13:39	Documento de Texto	1 KB
dadosD3	30/09/2016 13:39	Documento de Texto	1 KB
dadosD4	30/09/2016 14:04	Documento de Texto	1 KB
dadosD5	30/09/2016 14:06	Documento de Texto	1 KB
dadosD6	30/09/2016 14:17	Documento de Texto	1 KB
dadosD7	30/09/2016 14:19	Documento de Texto	1 KB
dadosD8	30/09/2016 14:22	Documento de Texto	1 KB
dadosD9	30/09/2016 14:25	Documento de Texto	1 KB
dadosD10	30/09/2016 14:26	Documento de Texto	1 KB
dadosD11	30/09/2016 16:34	Documento de Texto	2 KB
dadosD12	30/09/2016 14:36	Documento de Texto	2 KB
dadosD13	30/09/2016 14:38	Documento de Texto	1 KB
dadosD14	20/09/2016 14:49	Documento de Texto	2 KB



aparecer também quando o usuário tentar rodar o Rbio, já sabendo, portanto que ele não seguiu os passos corretos para a instalação, devendo fazê-lo.

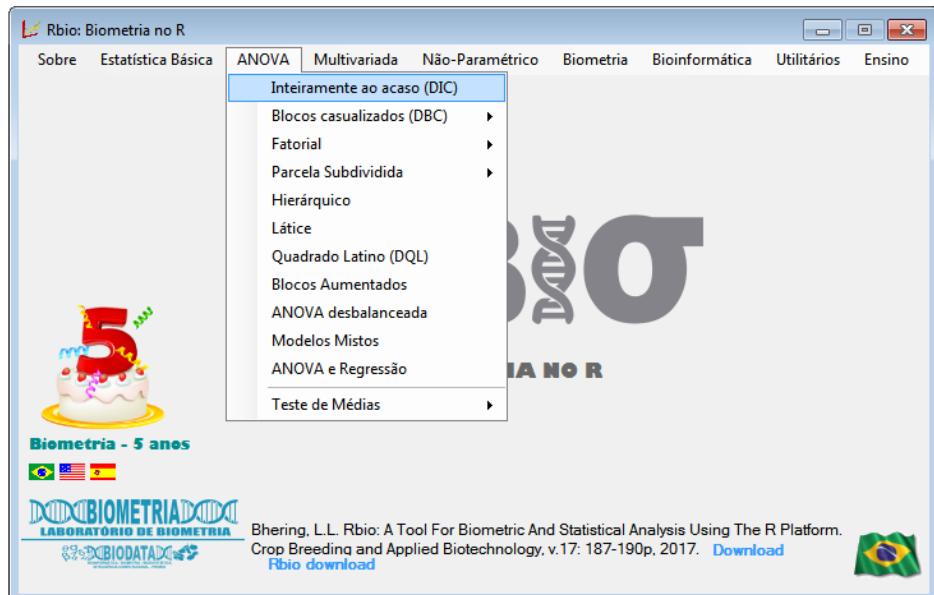
## O Software Rbio

A interface do Rbio pode ser vista abaixo, com os seus diferentes módulos constituintes:

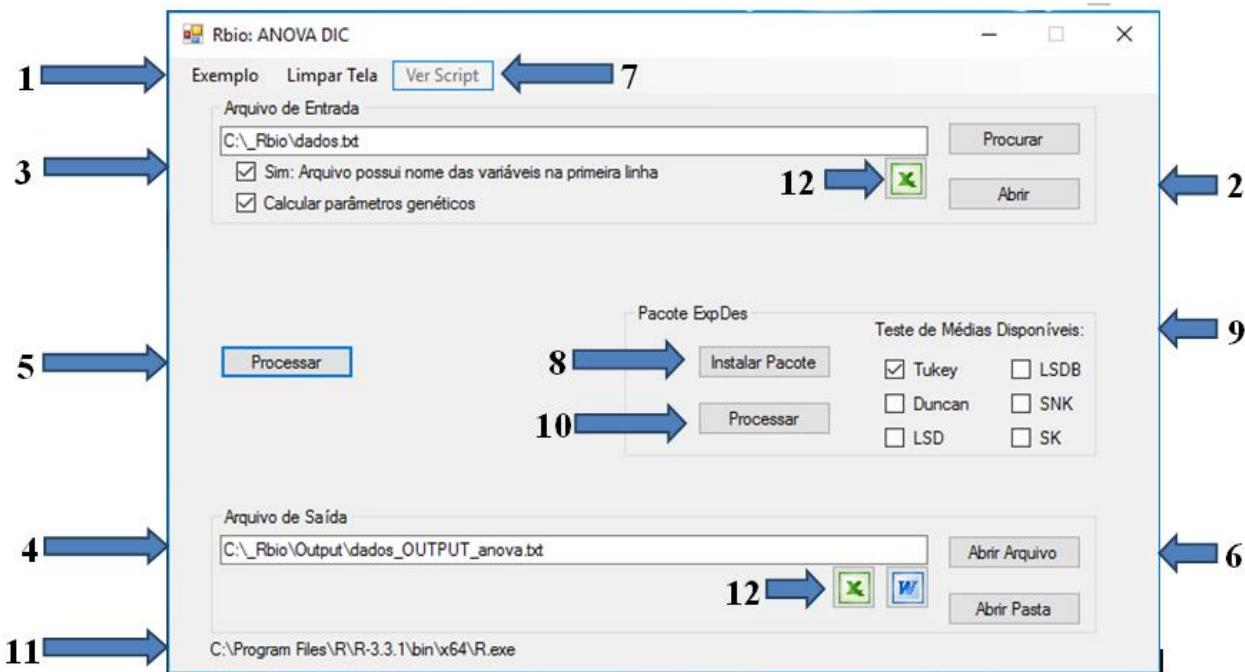


Para selecionar o idioma preferido, clique em uma das bandeiras no canto inferior esquerdo. Rbio está disponível em português, inglês e espanhol.

A fim de ilustração de como o usuário deve proceder para realizar as análises. Considere



uma análise de variância no delineamento inteiramente casualizado (DIC):



O formulário acima apresenta as seguintes opções para o usuário:

## 1. Exemplo

Cada procedimento possui um exemplo para que o usuário possa verificar como deve ser feita a tabulação dos dados. Após clicado em “Exemplo” O Arquivo de entrada (dados) e o nome do arquivo de saída (dados\_Output\_anova) serão definidos como outras opções do formulário.

Outra observação é que o nome do diretório e arquivo de entrada não podem ter espaços, nem acentos ou “ç”, pois não são reconhecidos pelo R, por exemplo: “c:\minha tese\dados ano 1.txt”. Este nome não é aceito devido aos espaços. Portanto o usuário deverá excluir os espaços ou colocar, por exemplo “\_”, de forma que o nome fique: “c:\minha\_tese\dados\_ano\_1.txt”.

Caso o usuário não esteja usando o exemplo e vai utilizar um conjunto de dados próprios, ele deverá clicar na opção “Procurar” e selecionar o arquivo de interesse para chamar para a análise.

dados - Bloco de notas			
Arquivo	Editar	Formatar	Exibir
Trat	Rep	DAP	Altura
1	1	20.4	20.2
1	2	20	18.6
2	1	23.2	17
2	2	22.6	15.4
3	1	18.8	13
3	2	19.4	15

## 2. Abrir (arquivo de dados)

Ao clicar nesta opção o usuário verá o arquivo de exemplo. Veja ainda que este arquivo possui na primeira coluna 3

tratamentos, na segunda 2 repetições, e 2 variáveis a serem analisadas (DAP e Altura).

É importante salientar, que o arquivo de entrada, deverá estar com símbolo decimal “.” (ponto), e com extensão .txt ou .dat. É recomendável usar o bloco de notas. Caso os dados estejam no Excel, recomenda que seja copiado os dados da planilha e colado no bloco de notas, e a partir deste arquivo .txt realizar as análises. A exceção é feita ao procedimento de bioinformática em que o arquivo de entrada deve estar no formato .fasta.

### 3. Informações complementares

Verifica-se que neste arquivo de exemplo a primeira linha são os nomes das colunas. Esta informação é importante, pois o usuário terá que escolher a opção “Sim. Arquivo possui nome das variáveis na primeira linha”. Caso o arquivo não possua este cabeçalho na primeira linha, a opção deverá ser desmarcada. Além, o usuário deverá escolher se deseja que o Rbio calcule também os parâmetros genéticos, como herdabilidade, variância fenotípica dentre outros, para isso basta marcar a opção “calcular parâmetros genéticos”.

### 4. Arquivo de saída

Ao selecionar o arquivo de entrada automaticamente o Rbio produz o nome do arquivo de saída, na mesma pasta do arquivo de entrada, com a palavra OUTPUT no arquivo. O arquivo de saída é um arquivo em .txt que o usuário poderá ver ou salvar com outro nome caso deseje.

O usuário poderá notar que no arquivo de saída, não haverá palavras com “ç” ou qualquer tipo de acentuação “‘, ‘, ^, ~” pois estes não são reconhecidos na transição Rbio/R e sairiam sem formatação.

### 5. Processar (análises)

Ao clicar em processar ocorrerá a análise. Abrirá uma tela preta que fechará assim que as análises tiverem sido processadas, portanto esta tela é a informação pro usuário de quando terminou o processamento sendo possível abrir a saída.

### 6. Abrir arquivo

Finalizado o processamento dos dados o usuário pode ver os resultados salvos no arquivo .txt. Na figura pode perceber um exemplo de saída. O programa liberará um cabeçalho informando o nome do procedimento, quando que ele foi implementado no Rbio e a pessoa que fez o script para tal análise. Abaixo vem a informação Data da Analise. Esta é uma informação muito importante para que o usuário perceba se o Rbio acaba de fazer análise ou abriu algum arquivo anterior. É fundamental que o autor feche esta tela ou salve com outro nome, para realizar uma análise do mesmo arquivo no mesmo procedimento. Caso esta tela esteja aberta, o Rbio tenta realizar a nova análise, mas não consegue imprimir sua saída no arquivo de saída, gerando um arquivo não verdadeiro, portanto, sempre que proceder a uma análise confira a data e hora que esta foi realizada. Além disso, virão todos os resultados da respectiva análise, e no caso da Anova em DIC, vem a interpretação da análise de variância, teste de normalidade e homogeneidade de variância.

```

dados_OUTPUT.anova - Bloco de notas
Arquivo Editar Formatar Exibir Ajuda
*****
SOFTWARE Rbio - BIOMETRIA NO R
Procedimento: ANOVA -DIC
Laboratorio de Biometria www.biometria.ufv.br
Autor: BHERING, L.L. email: leonardo.bhering@ufv.br
Data: 08/2016
*****
Data da Analise: Fri Sep 23 15:10:43 2016
-----
Variavel = 1 DAP
-----
-----ANOVA:
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Trat        2   15.29    7.647   52.14 0.00468 ***
Residuals   3    0.44    0.147
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
--Interpretacao:
p-value < 0.05: Significativo a 5% (*)- Rejeita H0 a 5%
H0: Efeito fixo: Medias dos efeitos sao iguais
H0: Efeito aleatorio: Componente de variancia do efeito igual a 0
-----
-----Estatisticas Gerais:
Media Geral: 20.73333
cv (%): 1.847126
Minimo: 18.8
Maximo: 23.2
-----
-----Parametros Geneticos:
Variancia Fenotipica (media): 3.823333
Variancia Genotipica (media): 3.75
Variancia Ambiental (media): 0.07333333
Herdabilidade % (US: media da familia): 98.08195
Correlacao Intraclass % (US: parcela): 96.2361
Coeficiente de Variacao Genetico (%): 9.339992
Razao cvG/cvE: 5.056499
Acuracia rgg: 0.9903633

```





RIAL DO Rbio - Word

**Rbio: ANOVA DIC**

Exemplo Limpar Tela Ver Script

Arquivo de Entrada: C:\Rbio\dados.txt

Sim: Arquivo possui nome das variáveis na primeira linha

Calcular parâmetros genéticos

Arquivo de Saída: C:\Rbio\Output\dados\_OUTPUT\_anova.txt

Pacote ExpDes

Teste de Médias Disponíveis:

- Tukey
- LSDB
- Duncan
- SNK
- LSD
- SK

Processar

Instalar Pacote

Processar

zzz\_Script - Bloco de notas

```

Arquivo Editar Formatar Exibir Ajuda
X<-read.table("C:\Rbio\dados.txt",header=T)
cat("\n")
cat("*****")
cat("SOFTWARE Rbio - BIOMETRIA NO R", "\n")
cat("Procedimento: ANOVA -DIC", "\n")
cat("Laboratório de Biometria www.biometria.ufv.br", "\n")
cat("Autor: BHERING, L.L. email: leonardo.bhering@ufv.br", "\n")
cat("Data: 08/2016", "\n")
cat("-----")
cat("Data da Analise:", date(), "\n")
Trat<-as.factor(X[,1])
col_inicial<-3
for (i in col_inicial:ncol(x))
{
cat("-----")
cat("Variavel = ",i-2, " ",colnames(x)[i],"\n")
cat("-----")
cat("----ANOVA: ", "\n")
saída<-aov(X[,i]-Trat)
print(summary(saída))
cat("\n")
cat("--Interpretacao: ", "\n")
cat("p-value < 0,05: Significativo a 5% (*)- Rejeita,H0 a 5%", "\n")
cat("H0: Efeito fixo: Medias dos efeitos sao iguais ", "\n")
cat("H0: Efeito aleatorio: Componente de variancia do efeito igual a 0 ")
cat("-----", "\n")
cat("-----", "\n")
glTrat<- summary(saída)[[1]][1,1] # GL Trat
glRes<- summary(saída)[[1]][2,1] # GL Res
qmTrat<- summary(saída)[[1]][1,3] # QM Trat
qmRes<- summary(saída)[[1]][2,3] # QM Res
ngen<- glTrat +1
nrep<- (glRes/ngen)+1
  
```

## 7. Ver Script

Após clicar no botão processar a opção “ver Script” vai ficar habilitada. Neste momento o usuário poderá ver o script do R que foi utilizado para realizar a análise. Dessa forma o usuário poderá constatar como foi declarado tudo para a análise, como também será possível que ele edite o script para rodá-lo no R. Caso ele modifique o script basta salvá-lo com o nome de interesse que pode ainda usar o Rbio para processar este novo script, basta no menu principal ir em “Utilitários” e na opção “Rodar script R”.

## 8. Instalar pacote

Toda vez que alguma análise necessitar de um pacote do R para realizar haverá esta opção no formulário. O nome do pacote estará logo acima, nesse exemplo o ExpDes. Se o usuário já possui tal pacote instalado no computador não é necessária a instalação, caso contrário, o usuário clica em instalar pacotes que o Rbio se encarregará de proceder a instalação daquele pacote

Rbio: Biometria no R

Sobre Estatística Básica ANOVA Multivariada Não-Paramétrico Biometria Bioinformática

Utilitários Ensino

- Rodar Scripts R
- Exportar Excel
- Tabelas de Médias
- Rbio: Atualização
- Rbio: Tutorial
- R: Download
- R: Instalar Pacotes**
- Qual teste estatístico usar
- Diagnóstico de Multicolinearidade

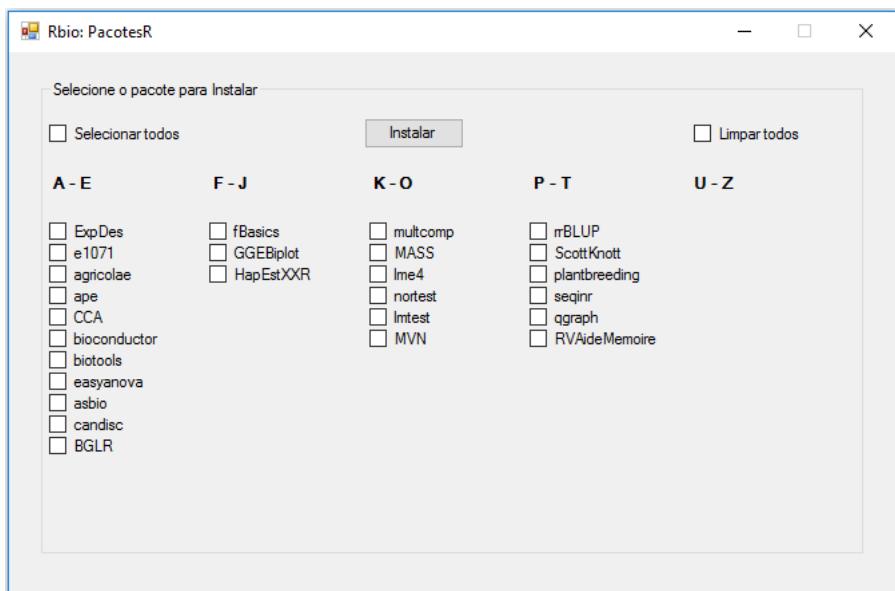
Biometria - 5 anos

Bhering, L.L. Rbio: A Tool For Biometric And Statistical Analysis Using The R Platform. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v.17: 187-190p, 2017. [Download](#)

necessário. Vale lembrar que, para instalação de pacotes é necessário o download do mesmo, portanto é necessária conexão com a internet.

Outra opção existente para o usuário é no menu principal do Rbio, ir na opção “Utilitários” e clicar em “R: Instalar pacotes”. No formulário acima, irá aparecer a opção de todos os pacotes utilizados no Rbio. O usuário, se desejar pode selecionar todos e instalá-los de uma única vez.

Em alguns casos excepcionais a instalação dos pacotes via Rbio pode não ter sucesso por motivos ainda desconhecidos. Neste caso abra o R instalado no computador, vá na aba “pacotes” e dentro dela em “instalar pacotes”. Basta o usuário instalar o pacote de interesse.



## 9. Opções de análises

Diversas análises podem ser feitas nos diferentes procedimentos. Neste, particularmente, é possível já realizar os testes de médias para as fontes de variação que forem significativas na análise de variância. Esta é uma opção do pacote ExpDes. Portanto basta que o usuário selecione a opção do teste desejado que ao clicar no botão de processar será realizado este teste.

## 10. Processar (análises opcionais)

Similar ao item 5, este realizará o processamento dos dados, porém, neste caso o processamento será feito considerando as opções do pacote ExpDes.

## 11. Trilha do R

Este é um item muito importante no Rbio. Todos os formulários do Rbio, com exceção, do formulário inicial, terão esta opção. Nela é possível o usuário ver a versão do R que está instalado no computador. Caso não apareça nada é sinal que não existe o software R instalado, portanto não será possível proceder as análises. Sendo assim, esta é mais uma possibilidade de verificar a existência do R, e que o Rbio está o reconhecendo.

## 12. Integração com Microsoft Office

Os ícones de Excel  e Word  existentes são para que os arquivos de entrada e de saída possam ser exportados para esses editores de dados e textos. Isso facilita ao usuário para que possa editar os conjuntos de dados de entrada de forma rápida e fácil, como salvar uma saída já formatada no Word ao invés de utilizar apenas o bloco de notas.

# Rbio Tutorial - ENGLISH

## Introduction

Rbio is a free software, developed by Leonardo Lopes Bhering (<http://lattes.cnpq.br/0174372765974716>), professor at Federal University of Viçosa (UFV), Minas Gerais - Brazil. Rbio was created in August 2016 and its first version was launched in October of 2016. Questions or suggestions can be sent to the email: [leonardo.bhering@ufv.br](mailto:leonardo.bhering@ufv.br).

Its distribution and installation can be performed by anyone, without prior authorization. The core of Rbio is the R software (<https://www.r-project.org>), therefore, R must be installed for Rbio's analysis be processed. As the R software is free and open access, the Rbio + R set can be used by all users who own the Windows operating system.

The RBio's download and update are made on the site [www.biometria.ufv.br](http://www.biometria.ufv.br), which is the page of the biometrics laboratory of the UFV, where the software was developed and this lab is part of Biodata network (<http://www.ufv.br/dbg/biodata.htm>).

The program is practical, functional and easy to use. Two important advantages and also they are the main features of Rbio are: there are examples for all the proposed analyzes and the user has the option to view and to edit the developed scripts, making it possible for each user to create custom scripts. The editing option makes Rbio an excellent tool for learning programming in R, since several packages, functions, loops, text printing and other strategies are used in the scripts. Rbio turns biometric analysis useful for breeding programs, ecology and other areas of agricultural and biological sciences.

## Setup and Update

For the Rbio's installation the user should follow the steps described below:

Step 1: Download the R software

Step 2: Install R

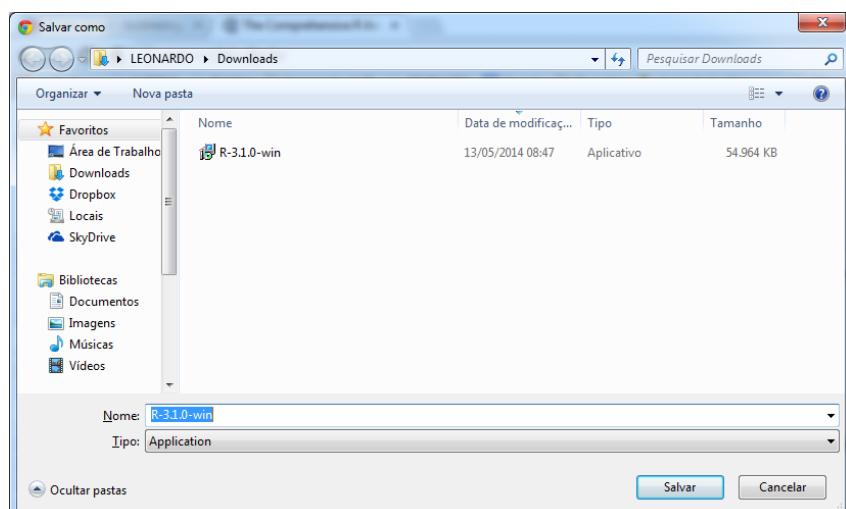
Step 3: Download the Rbio software

Step 4: Install Rbio

For users who already have R installed in their computer, it is not necessary to download R again, and consequently they are able to follow steps 3 and 4.

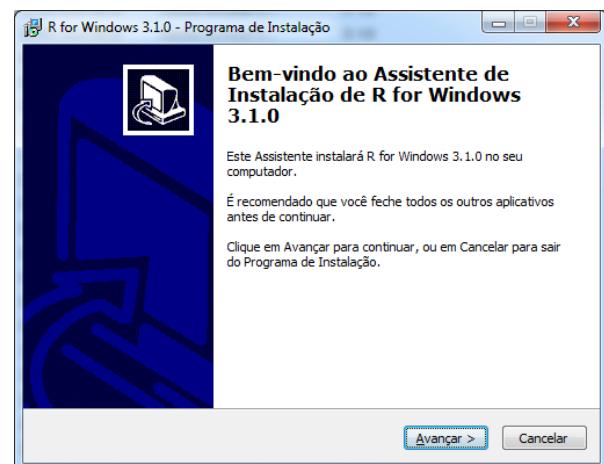
### Step 1: Download R

The R's download (~70mb) is done in the official homepage of R-project: <https://cran.r-project.org/mirrors.html>. You should Choose your preferred CRAN mirror, then select "Download R for Windows" and "install R for the first time" to download the latest version of R. Accessing the link, a window will appear similar to that shown in the following figure. Save the setup of R.



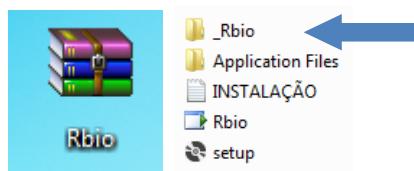
## Step 2: Installing R

For R's installation, the user should follow the steps suggested by the software. The next figure is an example of the window in the installation process for R version 3.1.0.



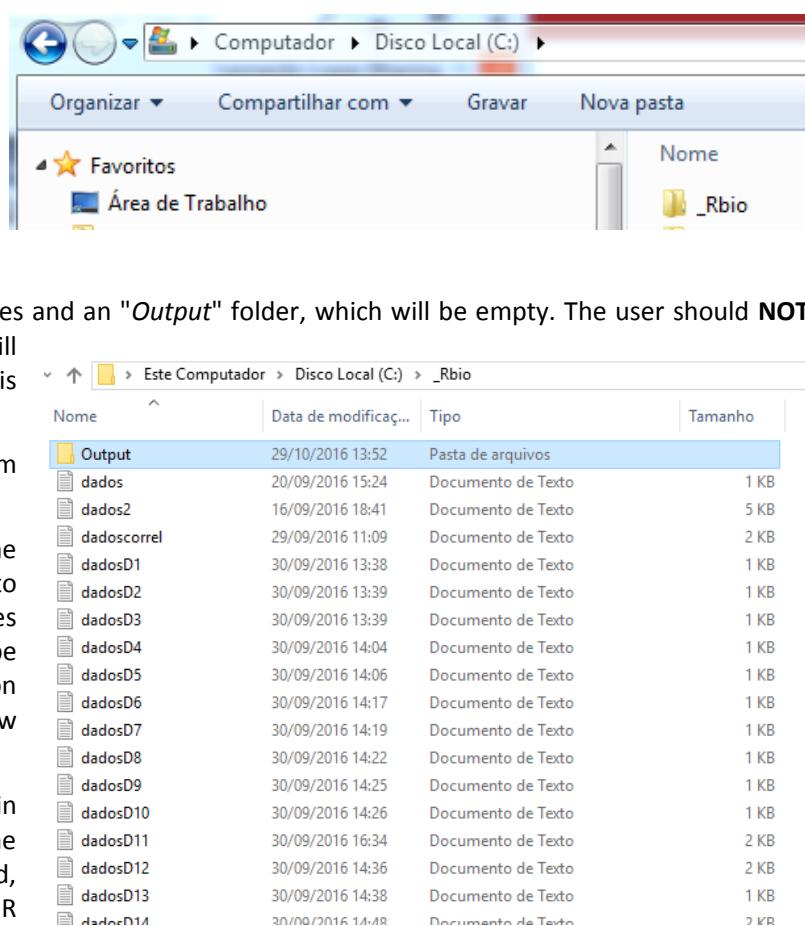
## Step 3: Download Rbio

The Rbio's download (~1mb) can be done through the link: <http://www.biometria.ufv.br/wp-content/uploads/Rbio.rar>. Download the file Rbio.rar and extract its contents. Extracted files:



## Step 4: Installing Rbio

The installation process is fast and simple. Open the "setup" file as shown in the previous image. Then, copy the folder "\_Rbio" to the local disk "c:\". It is shown next figure:



The '\_Rbio' folder contains the examples files and an "Output" folder, which will be empty. The user should **NOT** delete the "Output" folder, because it will receive the files when the analysis is running.

Following these 4 steps the Rbio program will be installed and ready to use.

To update Rbio you must uninstall the previous version as described next: Go to the control panel - Programs and features and select the Rbio software that will be uninstalled. Then follow the installation steps mentioned above to install the new Rbio version.

**Important!:** If an error message appears in the installation process, informing that the file "c:\program files\R" could not be found, it means that the user does not have the R program installed on the computer. This message may also appear when the user tries to run any procedure in Rbio. Therefore, the correct installation steps must be followed.



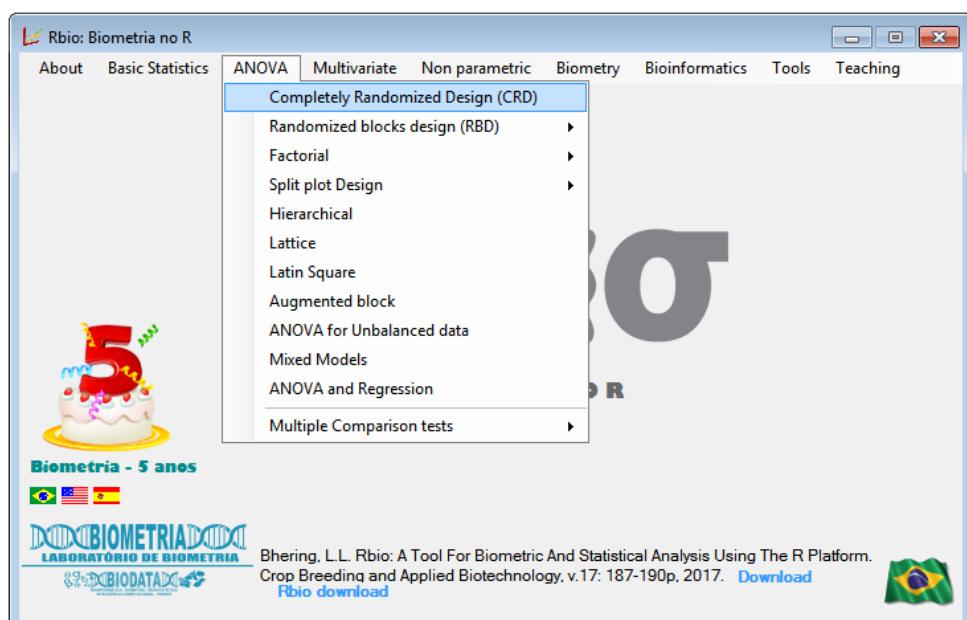
## The Rbio Program

The Rbio interface and its different modules are shown in the following figure:

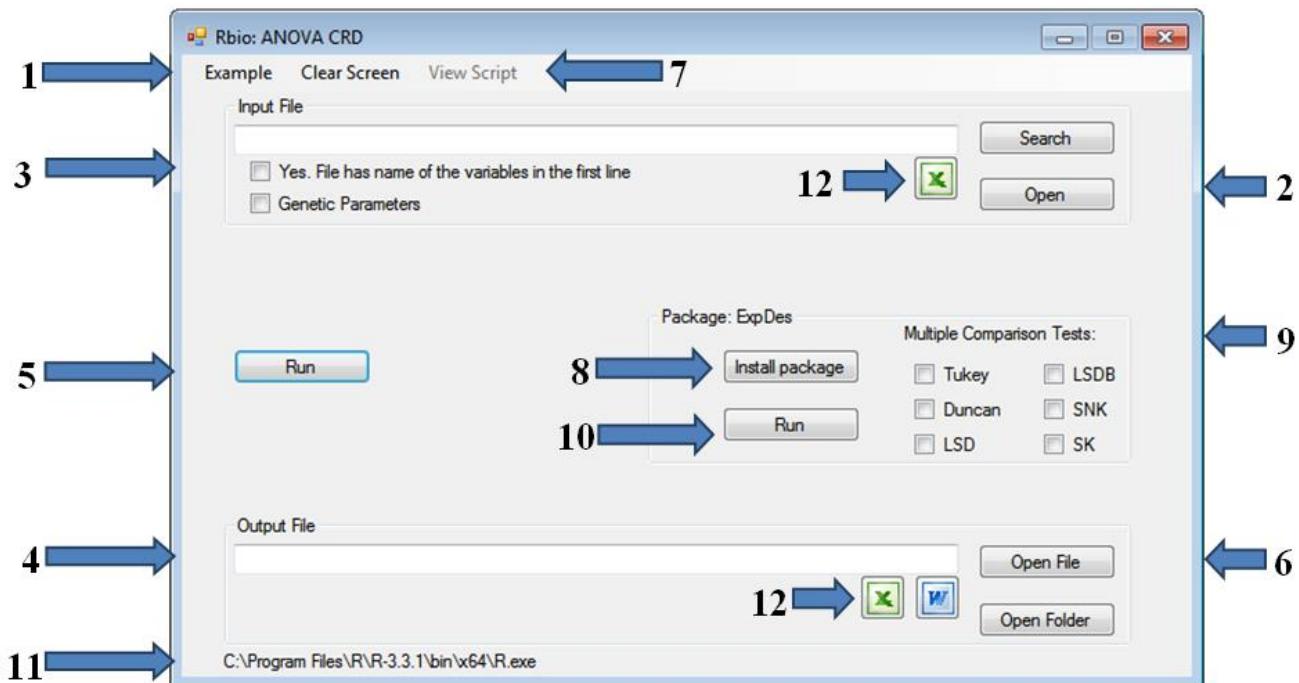


To select the preferred language, click on the one flag in the bottom left. Rbio is available in Portuguese, English and Spanish.

For the user understanding, the procedures for an analysis of variance in completely randomized design (CRD) are shown below.



After selecting "ANOVA" and then "CRD" a window will appear with the following options:



## 1. Example

Each procedure has an example, so the user can verify how the data should be tabulated. After click on "Example" will be defined the input file (data) and the output file name (dataOutput\_anova) automatically, as well as other options on the form.

The name of the directory and input file cannot have spaces, accents or "ç", because they are not recognized by R, for example: "c:\my thesis\data year 1.txt". This name is not accepted due to the spaces between "data" and "year" and between "year" and "1". Therefore, for example, the user should change the spaces for "\_", so that the name is: "c: \ my\_thread \ data\_ano\_1.txt".

In case the user is not using the example and he uses his own data set, he should click on the "Search" option for select the file of interest and then call the analysis.

## 2. Open (input)

When the user clicks on this option he will see the example file. The example file has three treatments in the first column, two replications in the second one and then two variables to be analyzed ("DAP" (DHC) and "Altura" (Height)).

Please note that the input file must have a decimal symbol "." (dot) and .txt or .dat extension. We suggest that the user may use the notepad. If the data is in Excel, it is recommended that the user copies the

dados - Bloco de notas				
Arquivo	Editar	Formatar	Exibir	Ajuda
Trat	Rep	DAP	Altura	
1	1	20.4	20.2	
1	2	20	18.6	
2	1	23.2	17	
2	2	22.6	15.4	
3	1	18.8	13	
3	2	19.4	15	



data from the spreadsheet and pasted into the notepad and save in .txt extension before to perform the analyses. The exception is made with the bioinformatics procedure, where the input file must be in .fasta extension.

### 3. Additional information

In this example file the first line is the columns names. This information is important because the user will have to choose the option "Yes, file has names of the variables in the first line". If there is no header in the file, this option must be unchecked. Additionally, the user may choose if Rbio should calculate the genetic parameters, such as heritability, phenotypic variance, so on. To do this, select the option "Genetic parameters".

### 4. Output file

As standard, every time an input file is called, the output receives the same name followed by the word "*OUTPUT*" and this file will be available in the same folder as the input file. The output file is a .txt extension that the user can view or save under another name, if they desired.

The output file will have no words with "ç" or any type of accentuation "';, ^, ~", because these are not recognized in the Rbio / R transition and would be unformatted.

### 5. Run (analysis)

The analysis will be performed when the user clicks on "Run". A black window will be opened and closed subsequently, and it means that the analysis has been performed. Therefore, this window indicates to the user when the analysis finished, making possible to open the output.

### 6. Open file

Once the data has been performed, the user can see the saved results in the .txt file. An example of an output can be seen in the next figure. The software will report in a header the name of the procedure, when it was implemented in Rbio and the author's names who wrote the script. Then, the date that the analysis was performed is informed below. This information is very important for the user to verify if Rbio has really carried out the analysis or just opened some previous file. To perform an analysis of the same file with the same procedure, it is advisable that the user should close this window or save with another name, because if this window is open, Rbio will try to perform the new analysis but it will not be able to print the new output, generating a non-real file. Therefore, whenever you carry out an analysis, check the date and time it was performed.

After the heading, the results of the respective analysis are presented, for instance in this case of the Anova in CRD, the interpretation of the analysis of variance, normality test and homogeneity of variance are shown below.

A screenshot of a Windows Notepad window titled "dados\_OUTPUT\_anova - Bloco de notas". The window contains the following text:

```
Arquivo Editar Formatar Exibir Ajuda
*****
SOFTWARE Rbio - BIOMETRIA NO R
Procedimento: ANOVA -DIC
Laboratorio de Biometria www.biometria.ufv.br
Autor: BHERING, L.L. email: leonardo.bhering@ufv.br
Data: 08/2016
*****
Data da Analise: Fri Sep 23 15:10:43 2016
-----
Variavel = 1 DAP
-----
----ANOVA:
Trat          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Residuals     3   0.44   0.147
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
--Interpretacao:
p-value < 0.05: Significativo a 5% (*)- Rejeita H0 a 5%
H0: Efeito fixo: Medias dos efeitos sao iguais
H0: Efeito aleatorio: Componente de variancia do efeito igual a 0
-----
----Estatisticas Gerais:
Media Geral: 20.73333
cv (%): 1.847126
Minimo: 18.8
Maximo: 23.2
-----
---- Parametros Geneticos:
Variancia Fenotipica (media): 3.823333
Variancia Genotipica (media): 3.75
Variancia Ambiental (media): 0.07333333
Herdabilidade % (US: media da familia): 98.08195
Correlacao Intraclasse % (US: parcela): 96.2361
Coeficiente de Variacao Genetico (%): 9.339992
Razao cvG/cvE: 5.056499
Acuracia rgg: 0.9903633
```

## **Figure A**

```
*****
SOFTWARE Rbio - BIOMETRIA NO R
Procedimento: ANOVA desbalanceada e balanceada
Laboratorio de Biometria www.biometria.ufv.br
Autor: BHERING, L.L. email: leonardo.bhering@ufv.br
*****
Data da Analise: Fri Sep 30 15:18:06 2016
```

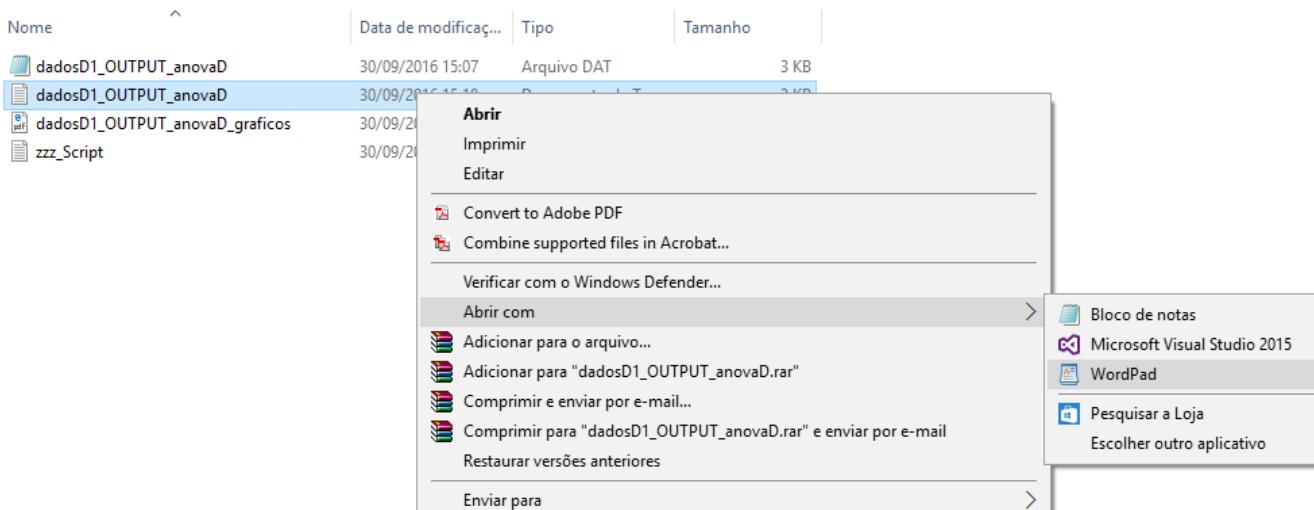
```
Anova: Desbalanceada e balanceada
Anova: Delineamento Inteiramente ao acaso $variavel1$variavel1$`Analysis of va
discrepant 3.0000$variavel2$variavel2$`Analysis of variance`          df ty
l1 device      1 > proc.time()  usuário    sistema decorrido     1.57
_
```

## Figure B

```
Data da Analise: Fri Sep 30 15:18:06 2016

Anova: Desbalanceada e balanceada
Anova: Delineamento Inteiramente ao acaso
$variavel1
$variavel1$`Analysis of variance`
  df type I SS mean square F value   p>F
treatments  2      1.6171    0.8086  4.4921 0.0949
Residuals   4      0.7200    0.1800   -       -
$variavel1$Means
  treatment mean standard.error tukey snk duncan t scott_knott
1          1  2.00           0.2449    a   a   a   a   a
2          2  1.90           0.3000    a   a   ab  ab  a
3          3  0.90           0.3000    a   a   b   b  a
$variavel1$`Multiple comparison test`
  pair contrast p(tukey) p(snk) p(duncan) p(t)
1 1 - 2       0.1     0.9642  0.8090  0.8090  0.8090
2 1 - 3       1.1     0.0972  0.0972  0.0498  0.0468
3 2 - 3       1.0     0.1573  0.0779  0.0779  0.0779
```

Depending on the package used, the output can be found with an unformatted configure. When this happens there are two options: The first is to export the output for Word (see item 12), and consequently the output will be correctly formatted.



The second, if you do not try to open it in the notepad and only see it in the Windows display panel, the contents of the file will be formatted correctly. Note that the output of the Figure A is not formatted, whereas Figure B is.

In these cases, exceptionally, it is suggested to open the output file with WordPad which is a software that will show the output as the correct format. To do this, just click on the name of the output file and choose "*Open with*" and select WordPad.



Rbio: ANOVA CRD

Example Clear Screen View Script

Input File: C:\\_Rbio\dados.txt  
 Yes. File has name of the variables in the first line  
 Genetic Parameters

Search Open

Run

Package: ExpDes

Multiple Comparison Tests:  
 Tukey     LSDB  
 Duncan     SNK  
 LSD     SK

Output File: C:\\_Rbio\Output\dados\_OUTPUT\_anova.txt

Open File Open Folder

zzz\_Script: Bloc de notas

```

Archivo Edición Formato Ver Ayuda
X<-read.table("C:\_Rbio\dados.txt",header=T)
cat("\n")
cat("*****")
cat("SOFTWARE Rbio - BIOMETRIA NO R","\\n")
cat("Procedimento: ANOVA -DIC","\\n")
cat("Laboratorio de Biometria www.biometria.ufv.br","\\n")
cat("Autor: BHERING, L.L. email: leonardo.bhering@ufv.br","\\n")
cat("Data: 08/2016","\\n")
cat("*****")
cat("Data da Analise:", date(), "\\n")
Trat<-as.factor(X[,1])
col_inicial<-3
for (i in col_inicial:ncol(X))
{
  cat("-")
  cat("Variavel = ",i-2, " ", colnames(X)[i],"\\n")
  cat("-")
  cat("\\n")
  cat("----ANOVA:\\n")
}

```

## 7. View Script

After clicking on the "run" button, the "View Script" option will be available. At this point the user will be able to see the R script that was used to perform the analysis. This way the user can verify how everything was prepared for the analysis. The script can be edited to run directly in R or through Rbio. After modifying the script, just save it with another name. To use this new script, go to the main menu and click on "Utilities" and choose the option "Run script R".

## 8. Install package

Whenever you need an R package to perform a particular analysis, this option will appear on the form. The name of the package will be indicated; in the example the package to perform the analysis is "ExpDes". If the user has already this package installed on the computer, installation is not necessary. Otherwise, the user will click on "install packages", and Rbio will be in charge to proceed to the installation of that package. It is worth remembering that for the installation of the packages it is necessary to download it, therefore, the internet connection is requested.

Rbio: Biometria no R

About Basic Statistics ANOVA Multivariate Non parametric Biometry Bioinformatics Tools Teaching

Run R Scripts Export to Excel Table of means

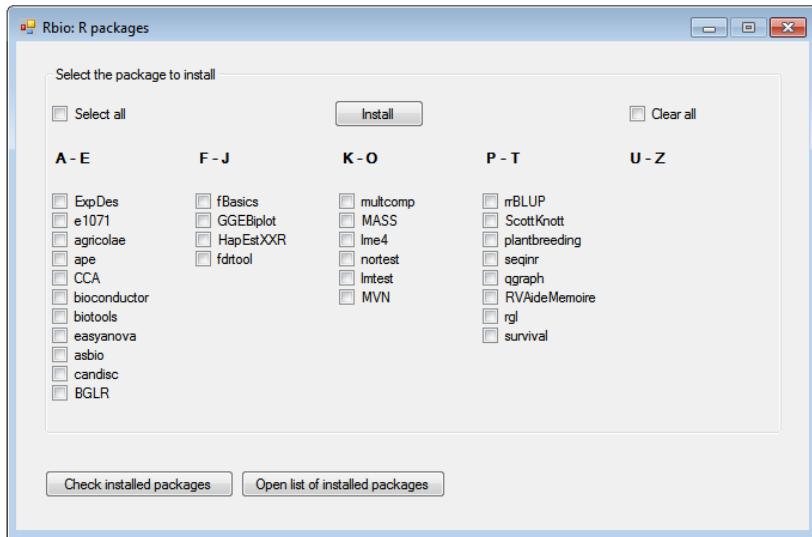
Rbio: Update Rbio: Tutorial R: Download R: Install packages

What does statistical test use? Diagnosis of multicolinearity

  
Biometria - 5 anos



Bhering, L.L. Rbio: A Tool For Biometric And Statistical Analysis Using The R Platform. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v.17: 187-190p, 2017. [Download](#)



An alternative option is in the main menu of Rbio, in the option "*Utilities*". In the form will appear the option of all the packages used by Rbio. If The user wish, he can select all and install them at one time.

In some exceptional cases, the installation of packages by Rbio may not be successful for reasons not yet known. In this case, user can open the R installed in your computer, then go to "*packages*" and click on "*install packages*", and install the interested package.

## 9. Analysis Options

Several analyzes can be performed on different procedures. In this example is possible to perform means comparisons tests for the sources of variation that are significant in the Anova. This is performed by *ExpDes* package option. The test (s) will be performed when the user selects the desired test and clicking on the button "*Run*".

## 10. Run (optional analyses)

Similar to item 5, this will perform data processing, however, in this case refers to the processing of the optional analysis of the *ExpDes* package.

## 11. Path to R

This is a very important element in Rbio. All Rbio forms have this option, except the initial screen. If nothing appears it is a sign that the software R is not installed, therefore, it will not be possible to perform the analysis. This is an opportunity to verify the existence of the R program in the computer and if Rbio is recognizing it.

## 12. Integration with Microsoft Office

The Excel and Word icons are so that both input and output files can be exported to those editors. This will make it easier for the user to edit data sets, to format them quickly and easily, or to edit an output, instead of just using the notepad.

# Tutorial Rbio – ESPAÑOL

## Introducción

El software Rbio es un programa gratuito, desarrollado por el profesor Leonardo Lopes Bhering (<http://lattes.cnpq.br/0174372765974716>) de la Universidad Federal de Viçosa (UFV), Minas Gerais - Brasil. Tuvo su inicio en agosto de 2016 e su primera versión fue lanzada en octubre de 2016. Preguntas o sugerencias pueden ser enviadas al correo: [leonardo.bhering@ufv.br](mailto:leonardo.bhering@ufv.br).

El programa es un software gratuito, por tanto, su distribución e instalación pueden ser realizadas por cualquier persona, sin necesidad de autorización previa.

Rbio es un programa que utiliza el software R (<https://www.r-project.org>) como núcleo, necesitando de este instalado en el computador para que los análisis de Rbio sean procesados. Siendo así, la mayoría de los scripts internos de Rbio, son rutinas que utilizan a R para el procesamiento. De igual forma el programa R es un software de código abierto y gratuito. Por tanto el conjunto Rbio + R pueden ser usados por todos usuarios que posean el sistema operacional Windows.

La descarga y actualización de Rbio son hechas en el site [www.biometria.ufv.br](http://www.biometria.ufv.br), que es la pagina del laboratorio de biometría de la UFV donde, en asocio con los demás laboratorios pertenecientes a la red Biodata (<http://www.ufv.br/dbg/biodata.htm>), fue desarrollado el aplicativo.

El programa es práctico, funcional y sencillo de utilizar, con ejemplos para todos los análisis propuestos. Además, el usuario tiene la opción de ver y editar los Scripts desarrollados, haciendo posible que cada usuario pueda crear script personalizados, tornándolo un programa diferente. La opción de edición hace que Rbio sea una excelente herramienta para el aprendizaje de programación en R, una vez que varias funciones, loops, instalación de paquetes, impresión de textos y otras estrategias son usadas en los procedimientos. Rbio realiza análisis biométricos útiles en programas de mejoramiento, ecología y otras áreas de las ciencias agrarias y biológicas.

## Instalación y Actualización

Para la instalación de Rbio se deben seguir los pasos descritos a continuación:

Paso 1: Descargar el programa R

Paso 2: Instalar R

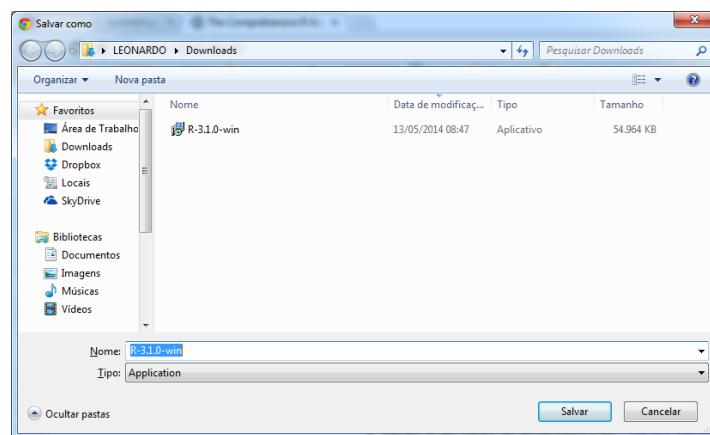
Paso 3: Descargar el programa Rbio

Paso 4: Instalar Rbio

Para usuarios que ya tengan R instalado en el computador no es necesario bajar nuevamente, pudiendo proceder con los pasos 3 y 4.

### Paso 1: Bajar R

La descarga de R (aproximadamente 70mb) es realizado en la página oficial del proyecto R. A través del enlace: <https://cran.r-project.org/mirrors.html>, puede seleccionar la URL más cercana a su país. Seleccione "Download R for Windows" y luego en "install R for the first time", para descargar la versión más reciente de R. Accediendo en el enlace aparecerá una ventana, similar a mostrada en la siguiente figura, para guardar el instalador de R.



## Paso 2: Instalación de R

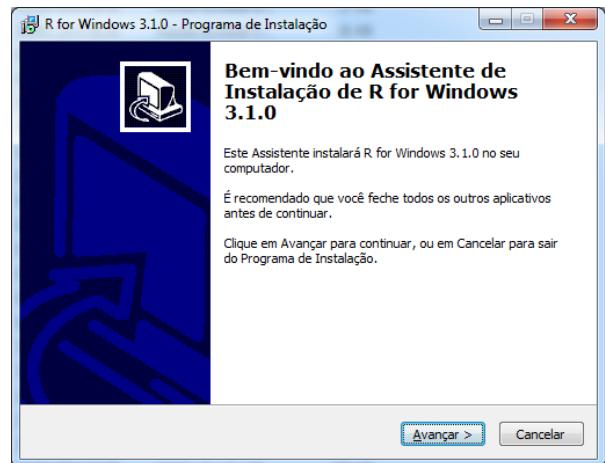
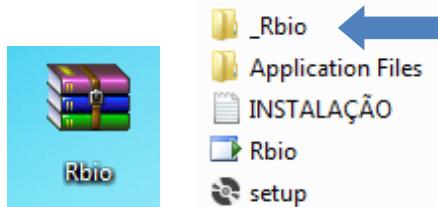
Para la instalación de R basta que el usuario siga los pasos sugeridos por el programa. Como ejemplo, en la siguiente figura muestra la ventana inicial del proceso de instalación de la versión 3.1.0 de R.

## Paso 3: Bajar Rbio

La descarga de Rbio (aproximadamente 1mb) es realizado a través del enlace:

<http://www.biometria.ufv.br/wp-content/uploads/Rbio.rar>

El usuario descargará el archivo Rbio.rar e deberá extraer su contenido. Archivos extraídos:



## Paso 4: Instalación de Rbio

El usuario deberá abrir el archivo "setup" mostrado en la imagen anterior. El proceso de instalación es rápido.

El usuario también deberá copiar para el disco local "c:\\" la carpeta: \_Rbio. Quedando de la siguiente manera:



La carpeta \_Rbio contiene los archivos de ejemplos que el programa usará y una carpeta "Output", que estará vacía. El usuario NO debe eliminar la carpeta "Output", porque esta recibirá los archivos durante el procesamiento de los análisis.

Siguiendo estos 4 pasos el programa Rbio estará instalado y listo para ser utilizado!.

Para la actualización de Rbio se debe desinstalar la versión anterior: vaya al panel de control - Programas y características y seleccione el software Rbio que será desinstalado. Posteriormente, siga los pasos de instalación antes mencionados.

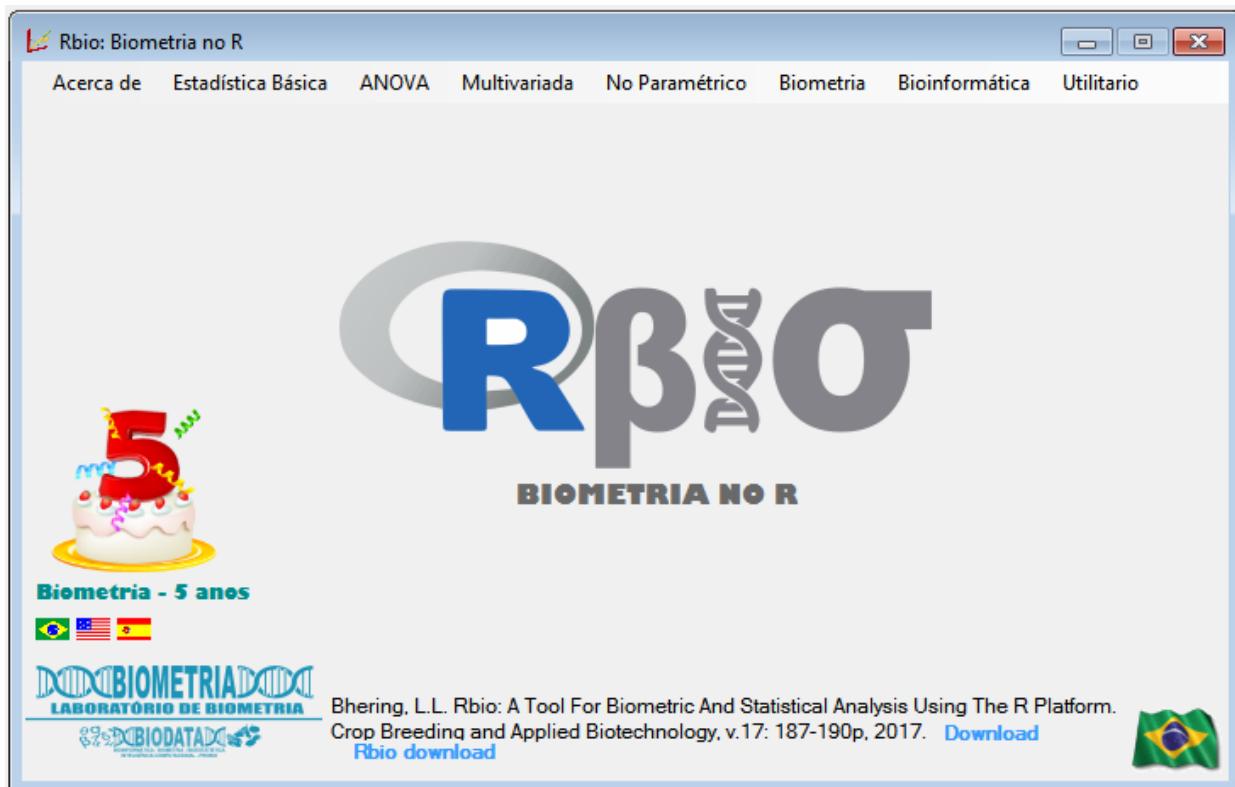
Una observación importante: Si en el proceso de instalación aparece un mensaje de error, informando que no fue posible encontrar el archivo "c:\program files\R" es señal de que el usuario no posee el programa R instalado en el computador. Este mensaje puede aparecer también cuando el usuario intenta ejecutar algún procedimiento en Rbio. Por tanto, los pasos correctos de instalación deben ser seguidos.

Nome	Data de modificação	Tipo	Tamanho
Output	29/10/2016 13:52	Pasta de arquivos	
dados	20/09/2016 15:24	Documento de Texto	1 KB
dados2	16/09/2016 18:41	Documento de Texto	5 KB
dadoscorrel	29/09/2016 11:09	Documento de Texto	2 KB
dadosD1	30/09/2016 13:38	Documento de Texto	1 KB
dadosD2	30/09/2016 13:39	Documento de Texto	1 KB
dadosD3	30/09/2016 13:39	Documento de Texto	1 KB
dadosD4	30/09/2016 14:04	Documento de Texto	1 KB
dadosD5	30/09/2016 14:06	Documento de Texto	1 KB
dadosD6	30/09/2016 14:17	Documento de Texto	1 KB
dadosD7	30/09/2016 14:19	Documento de Texto	1 KB
dadosD8	30/09/2016 14:22	Documento de Texto	1 KB
dadosD9	30/09/2016 14:25	Documento de Texto	1 KB
dadosD10	30/09/2016 14:26	Documento de Texto	1 KB
dadosD11	30/09/2016 16:34	Documento de Texto	2 KB
dadosD12	30/09/2016 14:36	Documento de Texto	2 KB
dadosD13	30/09/2016 14:38	Documento de Texto	1 KB
dadosD14	20/09/2016 14:48	Documento de Texto	2 KB

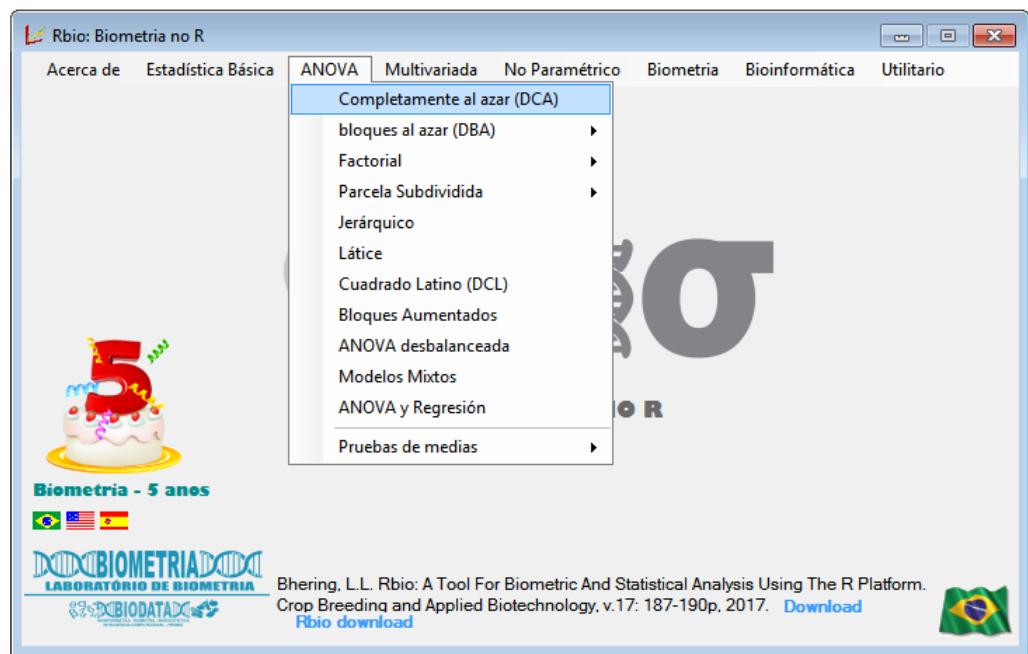


## El Programa Rbio

La interface de Rbio y sus diferentes módulos son mostrados en la siguiente figura:

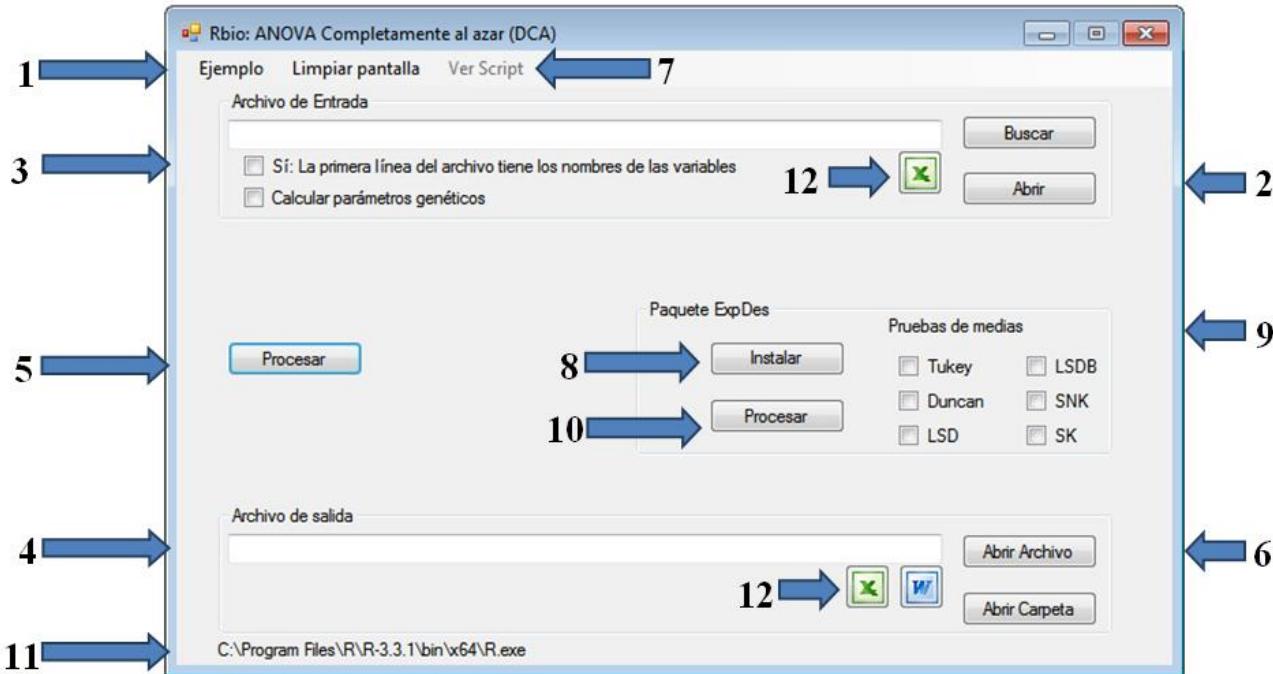


Para cambiar el idioma seleccione con el mouse una de las tres banderas de la parte inferior izquierda. Rbio está disponible portugués, inglés y español.



A modo de ilustración serán mostrados los procedimientos para realizar un análisis de varianza en un delineamiento completamente aleatorio (DCA).

Luego de seleccionar "ANOVA" y luego "DCA" aparecerá una ventana con las siguientes opciones:



## 1. Ejemplo

Cada procedimiento posee un ejemplo para que el usuario pueda verificar como debe estar tabulada la planilla de datos. Después de clicar en "Ejemplo" el archivo de entrada (datos) y el nombre del archivo de salida (datos\_Output\_anova) serán definidos, así como otras opciones del formulario.

El nombre del directorio y archivo de entrada no pueden tener espacios, ni acentos o “ç”, pues no son reconocidos pelo R, por ejemplo: “c:\minha tese\dados ano 1.txt”. Este nombre no es aceptado debido a los espacios. Por tanto, el usuario deberá excluir los espacios o colocar, por ejemplo “\_”, de forma que el nombre quede: “c:\minha\_tese\dados\_ano\_1.txt”.

En el caso que el usuario no esté usando el ejemplo y va a usar un conjunto de datos propios, debe clicar en la opción "Buscar" y seleccionar el archivo de interés y luego llamar el análisis.

## 2. Abrir (archivo de datos)

Al clicar en esta opción el usuario verá el archivo ejemplo. El archivo ejemplo posee en la primera columna 3 tratamientos, en la segunda 2 repeticiones e luego dos variables a ser analizadas (DAP y Altura).

Es importante destacar que el archivo de entrada deberá estar con símbolo decimal "." (punto) y con extensión .txt o .dat. Se recomienda al usuario usar

dados: Bloc de notas			
Archivo	Edición	Formato	Ver
Trat	Rep	DAP	Altura
1	1	20.4	20.2
1	2	20	18.6
2	1	23.2	17
2	2	22.6	15.4
3	1	18.8	13
3	2	19.4	15

el bloque de notas. En caso los datos estén en Excel, se recomienda que los datos sean copiados de la planilla y pegados en el bloque de notas y a partir de este archivo .txt realizar los análisis. La excepción es realizada con el procedimiento de bioinformática, en que el archivo de entrada debe estar en formato .fasta.

### 3. Informaciones complementarias

En este ese archivo de ejemplo a primera línea son los nombres de las columnas. Esta información es importante, pues el usuario tendrá que escoger la opción "Si, la primera línea del archivo tiene los nombres de las variables". Si el archivo no posea encabezado, dicha opción debe ser desmarcada. Además, el usuario debe escoger si desea que Rbio calcule también los parámetros genéticos, como heredabilidad, varianza fenotípica, entre otros. Para eso basta marcar la opción "calcular parámetros genéticos".

### 4. Archivo de salida

Al seleccionar el archivo de entrada, Rbio genera el nombre al archivo de salida automáticamente, con el mismo nombre del archivo de entrada e incluyendo la palabra OUTPUT, colocándolo en la misma carpeta del archivo de entrada. El archivo de salida es un archivo en .txt que el usuario podrá ver o guardar con otro nombre, en caso lo deseé.

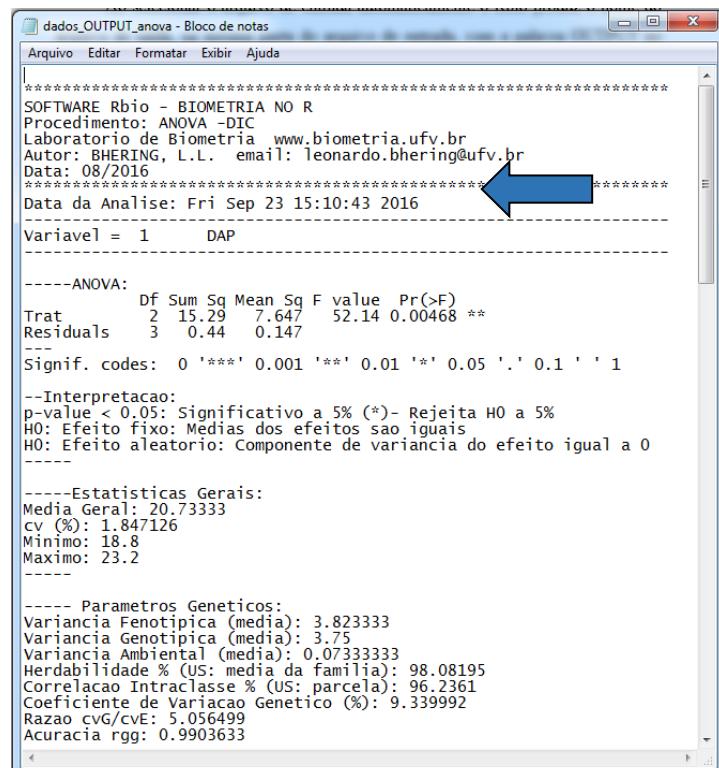
El usuario podrá notar que no archivo de salida, no tendrá palabras con “ç” o cualquier tipo de acentuación “‘, ‘, ^, ~” pues estas no son reconocidas en la transición Rbio/R y saldrían sin formato.

### 5. Procesar (análisis)

Al clicar en procesar se realizará el análisis. Se abrirá una ventana en negro y se cerrará así los análisis hayan sido procesados, por tanto, esta ventana indica al usuario cuando terminó el procesamiento, siendo posible abrir la salida.

### 6. Abrir archivo

Finalizado el procesamiento de los datos, el usuario puede ver los resultados salvados en el archivo .txt. En la siguiente figura se puede observar un ejemplo de salida. El programa liberará un encabezado informando el nombre del procedimiento, cuando fue implementado en Rbio y el nombre de la persona que hizo el script para tal análisis. Abajo viene la información de la fecha del análisis. Esta es una información muy importante para que el usuario verifique si Rbio acaba de hacer el análisis o abrió algún archivo anterior. Para realizar un análisis del mismo archivo con el mismo procedimiento, es recomendable que el usuario cierre esta ventana o guarde con otro nombre, porque en si esta ventana está abierta, Rbio intenta realizar el nuevo análisis, mas no conseguirá imprimir la nueva salida, generando un archivo no verdadero. Por tanto, siempre que proceda a un análisis, verifique la fecha y hora que este fue realizado. Luego del encabezado, son presentados los resultados del respectivo análisis, en este caso del Anova en DCA, la interpretación del análisis de varianza, test de normalidad y homogeneidad de varianza.



```

dados_OUTPUT_anova - Bloco de notas
Arquivo Editar Formatar Exibir Ajuda
*****
SOFTWARE Rbio - BIOMETRIA NO R
Procedimento: ANOVA -DIC
Laboratorio de Biometria www.biometria.ufv.br
Autor: BHERING, L.L. email: leonardo.bhering@ufv.br
Data: 08/2016
*****
Data da Analise: Fri Sep 23 15:10:43 2016
Variavel = 1 DAP
-----
-----ANOVA:
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Trat        2 15.29   7.647   52.14 0.00468 **
Residuals   3  0.44   0.147
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
--Interpretacao:
p-value < 0.05: Significativo a 5% (*)- Rejeita H0 a 5%
H0: Efeito fixo: Medias dos efeitos sao iguais
H0: Efeito aleatorio: Componente de variancia do efeito igual a 0
-----
-----Estatisticas Gerais:
Media Geral: 20.73333
cv (%): 1.847126
Minimo: 18.8
Maximo: 23.2
-----
-----Parametros Geneticos:
Variancia Fenotipica (media): 3.823333
Variancia Genotipica (media): 3.75
Variancia Ambiental (media): 0.07333333
Herdabilidade % (US: media da familia): 98.08195
Correlacao Intraclass % (US: parcela): 96.2361
Coeficiente de Variacao Genetico (%): 9.339992
Razao cvG/cvE: 5.056499
Acuracia rgg: 0.9903633

```

dadosD1\_OUTPUT\_anovaD: Bloc de notas

Archivo Edición Formato Ver Ayuda

```
*****
SOFTWARE Rbio - BIOMETRIA NO R
Procedimento: ANOVA desbalanceada e balanceada
Laboratorio de Biometria www.biometria.ufv.br
Autor: BHERING, L.L. email: leonardo.bhering@ufv.br
Pacote easyanova: Autor: Emmanuel Arnhold email:
emmanuelarnhold@yahoo.com.br
Data: 09/2016
*****
Data da Analise: Mon Apr 17 14:13:48 2017

Anova: Desbalanceada e balanceada
Anova: Delineamento Inteiramente ao acaso $variavel1$`Analysis of variance`  

          df type I SS mean square F value p>F treatments 2  

          1.6171 0.8086 4.4921 0.0949 Residuals 4 0.7200 0.1800 -  

          -$variavel1$Means treatment mean standard.error tukey snk duncan t  

          scott_knott 1 2.0 0.2449 a a a a a2  

          2 1.9 0.3000 a a ab ab a3 3 0.9  

          0.3000 a a b b a$variavel1$`Multiple comparison test` pair contrast p(tukey) p(snk) p(duncan) p(t) 1 2  

          0.1 0.9642 0.8090 0.8090 0.80902 1 - 3 1.1 0.0972 0.0972  

          0.0498 0.04683 2 - 3 1.0 0.1573 0.0779 0.0779 0.0779  

$variavel1$`Residual analysis` valuesp.value  

Shapiro-Wilk test 0.2778p.value Bartlett test 0.7646coefficient
```

**Figura A**

```
*****
SOFTWARE Rbio - BIOMETRIA NO R
Procedimento: ANOVA desbalanceada e balanceada
Laboratorio de Biometria www.biometria.ufv.br
Autor: BHERING, L.L. email: leonardo.bhering@ufv.br
Pacote easyanova: Autor: Emmanuel Arnhold email:
emmanuelarnhold@yahoo.com.br
Data: 09/2016
*****
Data da Analise: Mon Apr 17 14:13:48 2017

Anova: Desbalanceada e balanceada
Anova: Delineamento Inteiramente ao acaso $variavel1$`Analysis of variance`  

          df type I SS mean square F value p>F treatments 2  

          1.6171 0.8086 4.4921 0.0949 Residuals 4 0.7200 0.1800 -  

$variavel1$Means treatment mean standard.error tukey snk duncan t scott_knott  

          1 1 2.0 0.2449 a a a a a2  

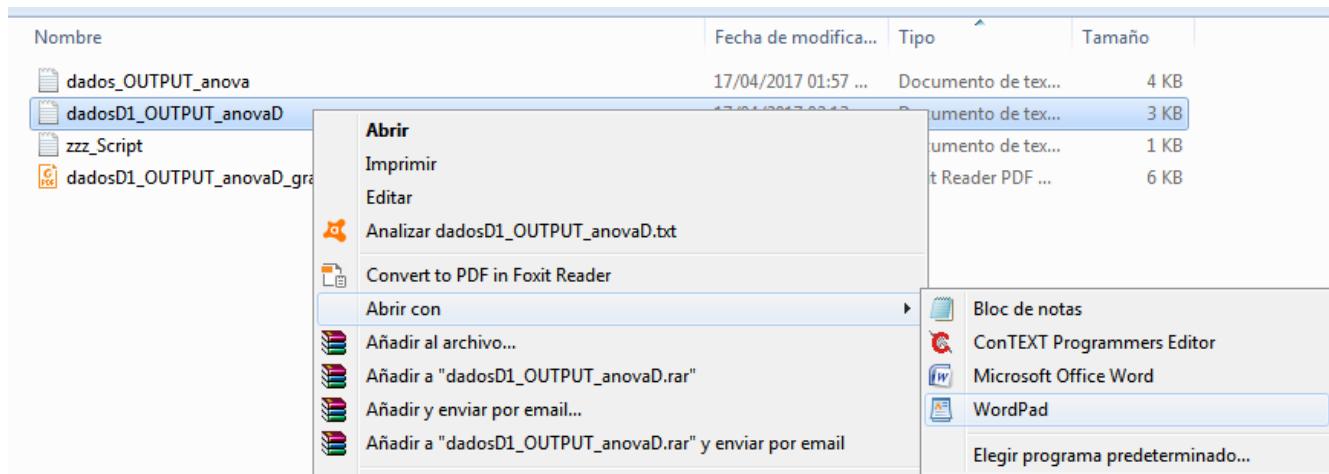
          2 2 1.9 0.3000 a a ab ab a3 3 0.9  

          3 3 0.9 0.3000 a a b b a
```

**Figura B**

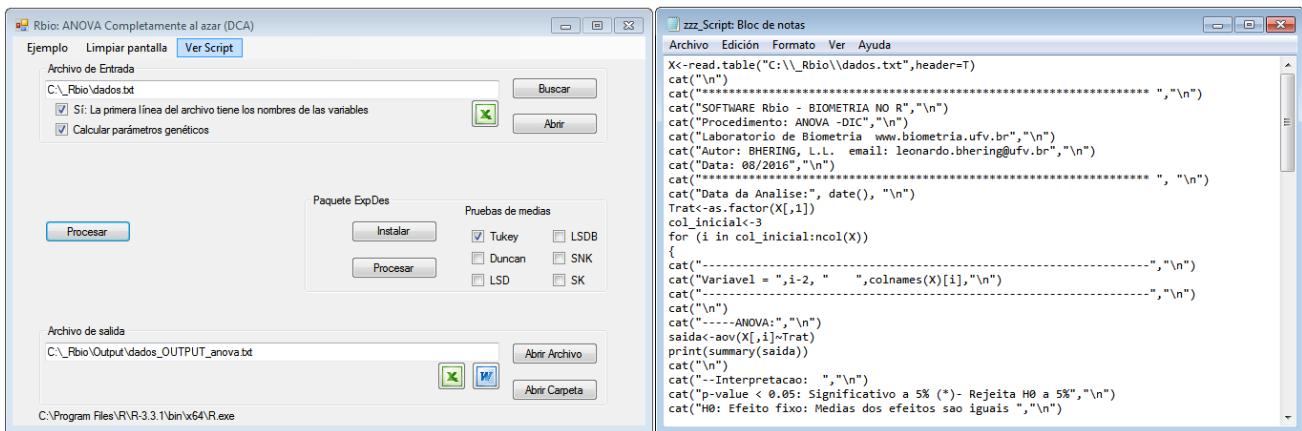
Dependiendo del paquete utilizado, el usuario se puede encontrar con una salida sin formato. Cuando eso ocurra existen dos opciones: La primera es exportar la salida para o Word (ver item 12), de esta forma la salida quedará correctamente formateada.

La segunda, si no se intenta abrir en el bloque de notas y solo se observa en el panel de visualización de Windows, el contenido del archivo estará formateado correctamente. Note que la salida de la figura A no está formateada, mientras que la figura B si lo está. En estos casos, excepcionalmente, es sugerido al usuario abrir el archivo de salida con WordPad, programa que mostrará la salida como el formato correcto. Para eso basta que el usuario clique con el botón derecho del mouse en el nombre del archivo de salida, y escoja la opción “Abrir con” e seleccionar WordPad.



## 7. Ver Script

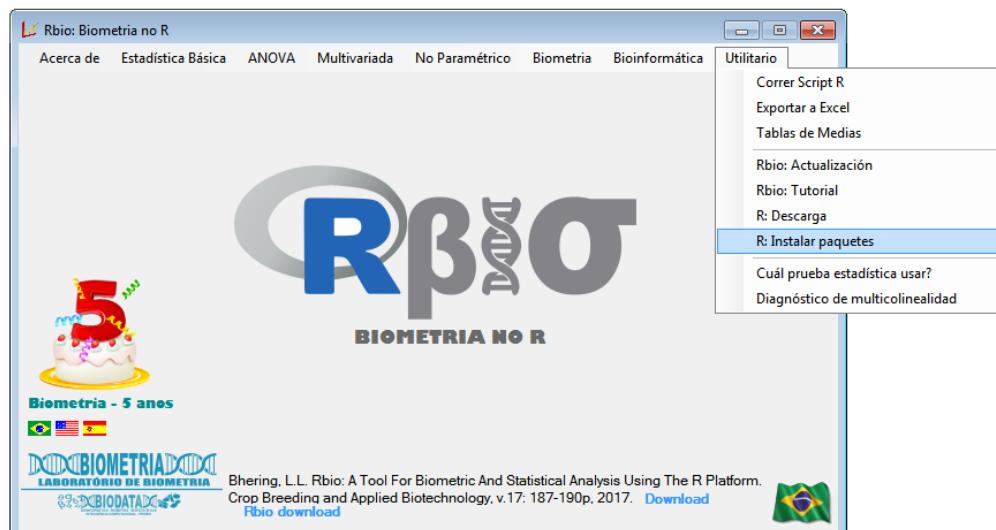
Después de clicar en el botón "procesar", la opción "ver Script" va a ser habilitada. En este momento el usuario podrá ver el script de R que fue utilizado para realizar el análisis. De esa forma el usuario podrá verificar como fue preparado todo para el análisis. Así como será posible la edición del script para rodarlo directamente en R. En caso el usuario modifique el script, basta salvarlo con el nombre de interés. El usuario podrá usar este nuevo script yendo al menú principal y en "Utilitarios" escoger la opción "Rodar script R".

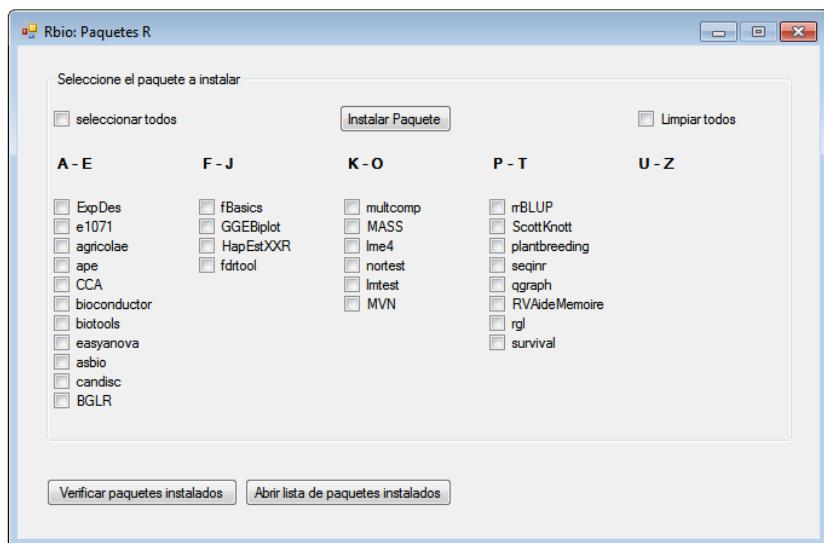


## 8. Instalar paquete

Toda vez que se necesite de un paquete de R para realizar un análisis en particular, aparecerá esta opción en el formulario. El nombre del paquete estará indicado, en el ejemplo el paquete necesario es "ExpDes". Si el usuario ya posee tal paquete instalado en el computador, no es necesaria la instalación. Caso contrario, el usuario clicará en "instalar paquetes", que Rbio se encargará de proceder a la instalación de aquel paquete. Vale la pena recordar que para la instalación de paquetes es necesaria la descarga del mismo, por tanto, es necesaria la conexión a internet.

Una opción alternativa está en el menú principal de Rbio, en la opción "Utilitarios", clicando en "R: Instalar paquetes". En el formulario aparecerá la opción de todos los paquetes utilizados por Rbio. El usuario, si así lo desea, puede seleccionar todos e instalarlos de una sola vez.





En algunos casos excepcionales la instalación de los paquetes vía Rbio puede no tener éxito por motivos aún desconocidos. En este caso abra el R instalado en su computador, en la pestaña “paquetes” seleccione “*instalar pacotes*”. Instálale el paquete de interés.

## 9. Opciones de análisis

Diversos análisis pueden ser hechos en los diferentes procedimientos. En este ejemplo, particularmente, es posible realizar pruebas de medias para las fuentes de variación que son significativas en el análisis de varianza. Esta es una opción del paquete ExpDes. Por tanto, basta que el usuario seleccione la opción de la prueba deseada, que al clicar en el botón de procesar será(n) realizada(s) la(s) prueba(s).

## 10. Procesar (análisis opcionales)

Similar al item 5, este realizará el procesamiento de datos, sin embargo, en este caso el procesamiento será hecho considerando las opciones del paquete ExpDes.

## 11. Ruta a R

Este es un elemento muy importante en Rbio. Todos los formularios de Rbio tienen esta opción, con excepción de la pantalla inicial. Si no aparece nada es señal de que el software R no está instalado, por tanto, no será posible realizar los análisis. Esta es una oportunidad de verificar la existencia del programa R en el computador y que Rbio lo esté reconociendo.

## 12. Integración con Microsoft Office

Los íconos de Excel  y Word  son para que los archivos de entrada y de salida puedan ser exportados para esos editores. Esto facilitará al usuario la edición de los conjuntos de datos, para formatearlos rápida e fácilmente, o la edición de una salida, en vez de utilizar apenas el bloque de notas.