

# BIO 4022. Manipulación de datos e investigación reproducible en R

*Derek Corcoran*

*2018-08-16*



# Contents

<b>Requerimientos</b>	<b>5</b>
0.1 Antes de comenzar . . . . .	5
0.2 Descripción del curso . . . . .	5
0.3 Objetivos del curso . . . . .	6
0.4 Contenidos . . . . .	6
0.5 Metodología . . . . .	6
0.6 Evaluación . . . . .	7
0.7 Libros de consulta . . . . .	7
0.8 Bibliografía . . . . .	7
<b>1 Tidy Data y manipulación de datos</b>	<b>9</b>
1.1 Paquetes necesarios para este capítulo . . . . .	9
1.2 Tidy data . . . . .	9
1.3 dplyr . . . . .	9
<b>2 Investigación reproducible</b>	<b>17</b>
2.1 Paquetes necesarios para este capítulo . . . . .	17
2.2 Investigación reproducible . . . . .	17
2.3 Guardando nuestro proyecto en github . . . . .	18
2.4 Reproducibilidad en R . . . . .	22
subtitulo 1 . . . . .	24
<b>3 El Tidyverso y tidyr</b>	<b>27</b>
3.1 Paquetes necesarios para este capítulo . . . . .	27
3.2 El tidyverso . . . . .	27
3.3 tidyr . . . . .	28
3.4 Ejercicios . . . . .	32

<b>4</b>	<b>Visualización de datos</b>	<b>35</b>
4.1	El esqueleto . . . . .	35
4.2	geom_algo . . . . .	35
4.3	Argumentos . . . . .	38
<b>5</b>	<b>Modelos en R</b>	<b>39</b>
<b>6</b>	<b>Loops (purrr) y bibliografía (rticles)</b>	<b>41</b>
<b>7</b>	<b>Presentaciones en R</b>	<b>43</b>
<b>8</b>	<b>Soluciones a problemas</b>	<b>45</b>
8.1	Capítulo 1 . . . . .	45
8.2	Capítulo 2 . . . . .	45
8.3	Capítulo 3 . . . . .	46

# Requerimientos

Para comenzar el trabajo se necesita la última versión de R y RStudio (R Core Team, 2018). También se requiere de los paquetes *pacman*, *rmarkdown*, *tidyverse* y *tinytex*. Si no se ha usado R o RStudio anteriormente, el siguiente video muestra cómo instalar ambos programas y los paquetes necesarios para este curso en el siguiente link.

El código para la instalación de esos paquetes es el siguiente:

```
install.packages("pacman", "rmarkdown", "tidyverse", "tinytex")
```

En caso de necesitar ayuda para la instalación, contactarse con el instructor del curso.

## 0.1 Antes de comenzar

Si nunca se ha trabajado con R antes de este curso, una buena herramienta es provista por el paquete Swirl (Kross et al., 2017). Para comenzar la práctica, realizar los primeros 7 módulos del programa *R Programming: The basics of programming in R* que incluye:

- Basic Building Blocks
- Workspace and Files
- Sequences of Numbers
- Vectors
- Missing Values
- Subsetting Vectors
- Matrices and Data Frames

El siguiente link muestra un video explicativo de cómo usar el paquete swirl Video

## 0.2 Descripción del curso

Este curso está enfocado en entregar principios básicos de investigación reproducible en R, con énfasis en la recopilación y/o lectura de datos de forma reproducible y automatizada. Para esto se trabajará con bases de datos complejas, las cuales deberán ser transformadas y organizadas para optimizar su análisis. Se generarán documentos reproducibles integrando en un documento: código, bibliografía, exploración y análisis de datos. Se culminará el curso con la generación de un manuscrito, una presentación y/o un documento interactivo reproducible.

## 0.3 Objetivos del curso

1. Conocer y entender el concepto de investigación reproducible como una forma y filosofía de trabajo que permite que las investigaciones sean más ordenadas y replicables, desde la toma de datos hasta la escritura de resultados.
2. Conocer y aplicar el concepto de pipeline, el cual permite generar una modularidad desde la toma de datos hasta la escritura de resultados, donde la corrección independiente de un paso tiene un efecto cascada sobre el resultado final.
3. Aprender buenas prácticas de recolección y estandarización de bases de datos, con la finalidad de optimizar el análisis de datos y la revisión de éstas por pares.
4. Realizar análisis críticos de la naturaleza de los datos al realizar análisis exploratorios, que permitirán determinar la mejor forma de comprobar hipótesis asociadas a estas bases de datos.

## 0.4 Contenidos

- Capítulo 1 *Tidy Data*: En este capítulo se aprenderá a cómo optimizar una de base de datos, sobre la limpieza y transformación de bases de datos, qué es una base de datos *tidy* y cómo manipular estas bases de datos con el paquete *dplyr* (?).
  - Capítulo 2 *Investigación reproducible*: En este capítulo se trabajará en la confección de un documento que combine códigos de R y texto para generar documentos reproducibles utilizando el paquete *rmarkdown* (Allaire et al., 2018). Además, se verá cómo al usar RStudio se pueden guardar los proyectos en un repositorio de github.
  - Capítulo 3 *El tidyverso* y el concepto de pipeline: En este capítulo se aprenderá sobre la limpieza de datos complejos.
  - Capítulo 4 *Visualización de datos* visualizar datos vs. visualizar modelos. Insertar gráficos con leyenda en un documento Rmd
  - Capítulo 6 *Loops*. Generación de funciones propias en R y loops
6. Escritura de manuscritos en R, transformación de documentos Rmd en un manuscrito
  7. Presentaciones en R y generar documentos interactivos. Transformación de datos en una presentación o en una Shiny app. Realizar una presentación o aplicación en R.

## 0.5 Metodología

Todas las clases estarán divididas en dos partes: I. Clases expositivas de principios y herramientas, donde se presentarán los principios de investigación reproducible y tidy data, junto con las herramientas actuales más utilizadas, y II. Clases prácticas donde cada estudiante trabajará con datos propios para desarrollar un documento reproducible. Los estudiantes que no cuenten con datos propios podrán acceder a sets de datos para su trabajo o podrán simularlos, dependiendo del caso.

Además, se deberán generar informes y presentaciones siguiendo los principios de investigación reproducible, en base al trabajo con sus datos. Se realizará un informe final, en el cual se espera un trabajo que compile los conocimientos adquiridos durante el curso.

## 0.6 Evaluación

- Evaluación 1: Informe exploratorio de base de datos 25%
- Evaluación 2: Presentación 25%
- Evaluación 3: Informe final 50%

## 0.7 Libros de consulta

Los principios de este curso están explicados en los siguientes libros gratuitos.

- Gandrud, Christopher. Reproducible Research with R and R Studio. CRC Press, 2013. Available for free in the following link
- Stodden, Victoria, Friedrich Leisch, and Roger D. Peng, eds. Implementing reproducible research. CRC Press, 2014. Available for free in the following link

## 0.8 Bibliografía





# Chapter 1

## Tidy Data y manipulación de datos

### 1.1 Paquetes necesarios para este capítulo

Para este capítulo necesitas tener instalado el paquete *tidyverse*

En este capítulo se explicará qué es una base de datos *tidy* (Wickham et al., 2014) y se aprenderá a usar funciones del paquete *dplyr* (?) para manipular datos.

Dado que este libro es un apoyo para el curso BIO4022, esta clase del curso puede también ser seguida en este link. El video de la clase se encuentra disponible en este link.

### 1.2 Tidy data

Una base de datos tidy es una base de datos en la cuál (modificado de (Leek, 2015)):

- Cada variable que se mide debe estar en una columna.
- Cada observación distinta de esa variable debe estar en una fila diferente.

En general, la forma en que representaríamos una base de datos *tidy* en R es usando un *data frame*.

### 1.3 dplyr

El paquete *dplyr* es definido por sus autores como una gramática para la manipulación de datos. De este modo sus funciones son conocidas como verbos. Un resumen útil de muchas de estas funciones se encuentra en este link.

Este paquete tiene un gran número de verbos y sería difícil ver todos en una clase, en este capítulo nos enfocaremos en sus funciones más utilizadas, las cuales son:

- *group\_by* (agrupa datos)
- *summarize* (resume datos agrupados)
- *mutate* (genera variables nuevas)
- *%>%* (pipeline)
- *filter* (encuentra filas con ciertas condiciones)
- *select* junto a *starts\_with*, *ends\_with* o *contains*

Table 1.1: una tabla con 10 filas de la base de datos iris.

Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species
5.8	4.0	1.2	0.2	setosa
4.7	3.2	1.6	0.2	setosa
5.1	3.8	1.9	0.4	setosa
5.2	2.7	3.9	1.4	versicolor
6.4	2.9	4.3	1.3	versicolor
5.5	2.5	4.0	1.3	versicolor
6.5	3.0	5.8	2.2	virginica
6.0	2.2	5.0	1.5	virginica
6.1	2.6	5.6	1.4	virginica
5.9	3.0	5.1	1.8	virginica

Table 1.2: Resumen del promedio y desviación estándar del largo de pétalo de las flores del generi Iris.

Mean.Petal.Length	SD.Petal.Length
3.758	1.765298

### 1.3.1 summarize

La función `summarize` toma los datos de un data frame y los resume. Para usar esta función, el primer argumento que tomaríamos sería un data frame, se continúa del nombre que queremos darle a una variable resumen, seguida del signo `=` y luego la fórmula a aplicar a una o mas columnas. Como un ejemplo se utilizará la base de datos `iris` (Anderson, 1935) que viene en R y de las cual podemos ver parte de sus datos en la tabla 1.1

Si quisieramos resumir esa tabla y generar un par de variables que fueran la media y la desviación estándar del largo del pétalo, lo haríamos con el siguiente código:

```
library(tidyverse)
Summary.Petal <- summarize(iris, Mean.Petal.Length = mean(Petal.Length),
  SD.Petal.Length = sd(Petal.Length))
```

El resultado se puede ver en la tabla 1.2, en el cuál se obtienen los promedios y desviaciones estándar de los largos de los pétalos. Es importante notar que al usar `summarize`, todas las otras variables desaparecen de la tabla.

```
##
## Attaching package: 'dplyr'

## The following objects are masked from 'package:stats':
##
##   filter, lag

## The following objects are masked from 'package:base':
##
##   intersect, setdiff, setequal, union
```

Table 1.3: Resumen del promedio y desviación estándar del largo de pétalo de las flores del generi Iris.

Species	Mean.Petal.Length	SD.Petal.Length
setosa	1.462	0.1736640
versicolor	4.260	0.4699110
virginica	5.552	0.5518947

Table 1.4: Millas por galón promedio en vehiculos automáticos (am = 0) y manuales (am = 1), con los distintos tipos de cilindros

cyl	am	Eficiencia
4	0	22.90000
4	1	28.07500
6	0	19.12500
6	1	20.56667
8	0	15.05000
8	1	15.40000

### 1.3.2 group\_by

La función `group_by` por si sola no genera cambios visibles en las bases de datos. Sin embargo, al ser utilizada en conjunto con `summarize` permite resumir una variable agrupada (usualmente) basada en una o más variables categóricas.

Se puede ver que para el ejemplo con el caso de las plantas del género *Iris*, el resumen que se obtiene en el caso de la tabla 1.2 no es tan útil considerando que tenemos tres especies presentes. Si se quiere ver el promedio del largo del pétalo por especie, se debe ocupar la función `group_by` de la siguiente forma:

```
BySpecies <- group_by(iris, Species)
Summary.Byspecies <- summarize(BySpecies, Mean.Petal.Length = mean(Petal.Length),
                                SD.Petal.Length = sd(Petal.Length))
```

Esto dá como resultado la tabla 1.3, con la cuál se puede ver que *Iris setosa* tiene pétalos mucho más cortos que las otras dos especies del mismo género.

#### 1.3.2.1 group\_by en más de una variable

Se puede usar la función `group_by` en más de una variable, y esto generaría un resumen anidado. Como ejemplo se usará la base de datos `mtcars` presente en R (Henderson and Velleman, 1981). Esta base de datos presenta una variable llamada `mpg` (miles per gallon) y una medida de eficiencia de combustible. Se resumirá la información en base a la variable `am` (que se refiere al tipo de transmisión, donde 0 es automático y 1 es manual) y al número de cilindros del motor. Para eso se utilizará el siguiente código:

```
Grouped <- group_by(mtcars, cyl, am)
Eficiencia <- summarize(Grouped, Eficiencia = mean(mpg))
```

Como puede verse en la tabla 1.4, en todos los casos los autos con cambios manuales tienen mejor eficiencia de combustible. Se podría probar el cambiar el orden de las variables con las cuales agrupar y observar los distintos resultados que se pueden obtener.

Table 1.5: Tabla con diez de las observaciones de la nueva base de datos con la variable nueva creada con `mutate`

Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species	Petal.Sepal.Ratio
5.8	4.0	1.2	0.2	setosa	0.21
4.7	3.2	1.6	0.2	setosa	0.34
5.1	3.8	1.9	0.4	setosa	0.37
5.2	2.7	3.9	1.4	versicolor	0.75
6.4	2.9	4.3	1.3	versicolor	0.67
5.5	2.5	4.0	1.3	versicolor	0.73
6.5	3.0	5.8	2.2	virginica	0.89
6.0	2.2	5.0	1.5	virginica	0.83
6.1	2.6	5.6	1.4	virginica	0.92
5.9	3.0	5.1	1.8	virginica	0.86

### 1.3.3 mutate

Esta función tiene como objetivo crear variables nuevas basadas en otras variables. Es muy fácil de usar, como argumento se usa el nombre de la variable nueva que se quiere crear y se realiza una operación con variables que ya están ahí. Por ejemplo, si se continúa el trabajo con la base de datos *Iris*, al crear una nueva variable que sea la razón entre el largo del pétalo y el del sépalo, resulta lo siguiente:

```
DF <- mutate(iris, Petal.Sepal.Ratio = Petal.Length/Sepal.Length)
```

El resultado de esta operación es la tabla 1.5. Siempre la variable que se acaba de crear aparecerá al final del data frame.

### 1.3.4 Pipeline (%>%)

El pipeline es un símbolo operatorio `%>%` que sirve para realizar varias operaciones de forma secuencial sin recurrir a parentesis anidados o a sobrescribir múltiples bases de datos.

Para ver cómo funciona esto como un vector, supongamos que se tiene una variable a la cual se quiere primero obtener su logaritmo, luego su raíz cuadrada y finalmente su promedio con dos cifras significativas. Para realizar esto se debe seguir lo siguiente:

```
x <- c(1, 4, 6, 8)
y <- round(mean(sqrt(log(x))), 2)
```

Si se utiliza pipeline, el código sería mucho más ordenado. En ese caso, se partiría por el objeto a procesar y luego cada una de las funciones con sus argumentos si es necesario:

```
x <- c(1, 4, 6, 8)
y <- x %>% log() %>% sqrt() %>% mean() %>% round(2)
```

```
## [1] 0.99
```

El código con pipeline es mucho más fácil de interpretar a primera vista ya que se lee de izquierda a derecha y no de adentro hacia afuera. El uso de pipeline se hace aún más importante cuando se usa con un *Data frame*, como se ve en el siguiente ejemplo:

Table 1.6: Razón pétalo sépalo promedio para las tres especies de Iris

Species	MEAN	SD
setosa	0.2927557	0.0347958
versicolor	0.7177285	0.0536255
virginica	0.8437495	0.0438064

Table 1.7: Símbolos lógicos de R y su significado

simbolo	significado	simbolo_cont	significado_cont
>	Mayor que	!=	distinto a
<	Menor que	%in%	dentro del grupo
==	Igual a	is.na	es NA
>=	mayor o igual a	!is.na	no es NA
<=	menor o igual a	&	o, y

#### 1.3.4.1 El pipeline en data frames

POr ejemplo se quiere resumir la variable recién creada de la razón entre el sépalo y el pétalo. Para hacer esto, si se partiera desde la base de datos original, tomaría varias líneas de código y la creación de múltiples bases de datos intermedias

```
DF <- mutate(iris, Petal.Sepal.Ratio = Petal.Length/Sepal.Length)
BySpecies <- group_by(DF, Species)
Summary.Byspecies <- summarize(BySpecies, MEAN = mean(Petal.Sepal.Ratio),
                                SD = sd(Petal.Sepal.Ratio))
```

Otra opción es usar paréntesis anidados, lo que se traduce en el siguiente código:

```
Summary.Byspecies <- summarize(group_by(mutate(iris, Petal.Sepal.Ratio = Petal.Length/Sepal.Length),
                                           Species), MEAN = mean(Petal.Sepal.Ratio), SD = sd(Petal.Sepal.Ratio))
```

Esto se simplifica mucho más al usar el pipeline, lo cual permite partir en un *Data Frame* y luego usar el pipeline. Esto permite obtener el mismo resultado que en las operaciones anteriores con el siguiente código:

```
Summary.Byspecies <- iris %>% mutate(Petal.Sepal.Ratio = Petal.Length/Sepal.Length) %>%
  group_by(Species) %>% summarize(MEAN = mean(Petal.Sepal.Ratio),
                                   SD = sd(Petal.Sepal.Ratio))
```

Estos tres códigos son correctos (tabla 1.6), pero definitivamente el uso del pipeline da el código más conciso y fácil de interpretar sin pasos intermedios.

#### 1.3.5 filter

Esta función permite seleccionar filas que cumplen con ciertas condiciones, como tener un valor mayor a un umbral o pertenecer a cierta clase. Los símbolos más típicos a usar en este caso son los que se ven en la tabla 1.7.

Por ejemplo si se quiere estudiar las características florales de las plantas del género *Iris*, pero no tomar en cuenta a la especie *Iris versicolor* se deberá usar el siguiente código:

Table 1.8: Resumen de la media de todas las características florales de las especies Iris setosa e Iris virginica

Species	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width
setosa	5.006	3.428	1.462	0.246
virginica	6.588	2.974	5.552	2.026

Table 1.9: Número de plantas de cada especie con un largo de pétalo mayor a 4 y un largo de sépalo mayor a 5 centímetros

Species	N
versicolor	39
virginica	49

```
data("iris")
DF <- iris %>% filter(Species != "versicolor") %>% group_by(Species) %>%
  summarise_all(mean)
```

De esta forma se obtiene como resultado la tabla 1.8. En este caso se introduce la función `summarize_all` de `summarize`, la cual aplica la función que se le da como argumento a todas las variables de la base de datos.

Por otro lado si se quiere estudiar cuántas plantas de cada especie tienen un largo de pétalo mayor a 4 y un largo de sépalo mayor a 5 se deberá usar el siguiente código:

```
DF <- iris %>% filter(Petal.Length >= 4 & Sepal.Length >= 5) %>%
  group_by(Species) %>% summarise(N = n())
```

En la tabla 1.9 se ve que con este filtro desaparecen de la base de datos todas las plantas de *Iris setosa* y que todas menos una planta de *Iris virginica* tienen ambas características.

### 1.3.6 select

Esta función permite seleccionar las variables a utilizar dado que en muchos casos nos encontraremos con bases de datos con demasiadas variables y por lo tanto, se querrá reducirlas para solo trabajar en una tabla con las variables necesarias.

Con `select` hay varias formas de trabajar, por un lado se puede escribir las variables que se utilizarán, o restar las que no. En ese sentido estos cuatro códigos dan exactamente el mismo resultado. Esto se puede ver en la tabla 1.10

```
iris %>% group_by(Species) %>% select(Petal.Length, Petal.Width) %>%
  summarize_all(mean)
```

```
iris %>% group_by(Species) %>% select(-Sepal.Length, -Sepal.Width) %>%
  summarize_all(mean)
```

```
iris %>% group_by(Species) %>% select(contains("Petal")) %>%
  summarize_all(mean)
```

Table 1.10: Promedio de largo de pétalo y ancho de pétalo para las especies del genero Iris

Species	Petal.Length	Petal.Width
setosa	1.462	0.246
versicolor	4.260	1.326
virginica	5.552	2.026

```
iris %>% group_by(Species) %>% select(-contains("Sepal")) %>%  
  summarize_all(mean)
```

## 1.3.7 Ejercicios

### 1.3.7.1 Ejercicio 1

Usando la base de datos `storms` del paquete `dplyr`, calcular la velocidad promedio y diámetro promedio (`hu_diameter`) de las tormentas que han sido declaradas huracanes para cada año.

### 1.3.7.2 Ejercicio 2

La base de datos `mpg` del paquete `ggplot2` tiene datos de eficiencia vehicular en millas por galón en ciudad (`cty`) en varios vehículos. Obtener los datos de vehículos del año 2004 en adelante que sean compactos y transformar la eficiencia Km/litro (1 milla = 1.609 km; 1 galón = 3.78541 litros)

Las soluciones a estos ejercicios se encuentran en el capítulo 8





## Chapter 2

# Investigación reproducible

## 2.1 Paquetes necesarios para este capítulo

Para este capítulo se necesita tener instalado los paquetes *rmarkdown*, *knitr* y *stargazer*

En este capítulo se explicará qué es investigación reproducible, cómo aplicarla usando github más los paquetes *rmarkdown* (Allaire et al., 2018) y *knitr* (Xie, 2015). Además, se aprenderá a usar tablas usando *knitr* (Xie, 2015) y *stargazer* (Hlavac, 2018)

Recuerda que este libro es un apoyo para el curso BIO4022, puedes seguir la clase de este curso en este link, y en cuanto el video de la clase encontrarás un link aca.

## 2.2 Investigación reproducible

La investigación reproducible no es lo mismo que la investigación replicable. La replicabilidad implica que experimentos o estudios llevados a cabo en condiciones similares nos llevarán a conclusiones similares. La investigación reproducible implica que desde los mismos datos y/o el mismo código se generarán los mismos resultados.

En la figura 2.1 vemos el continuo de reproducibilidad (Peng, 2011). En este continuo tenemos el ejemplo de no reproducibilidad como una publicación sin código. Se pasa de menos a más reproducible por la publicación y el código que generó los resultados y gráficos; seguido por la publicación, el código y los datos que generan los resultados y gráficos; y por último código, datos y texto entrelazados de forma tal que al correr el código obtenemos exactamente la misma publicación que leímos.

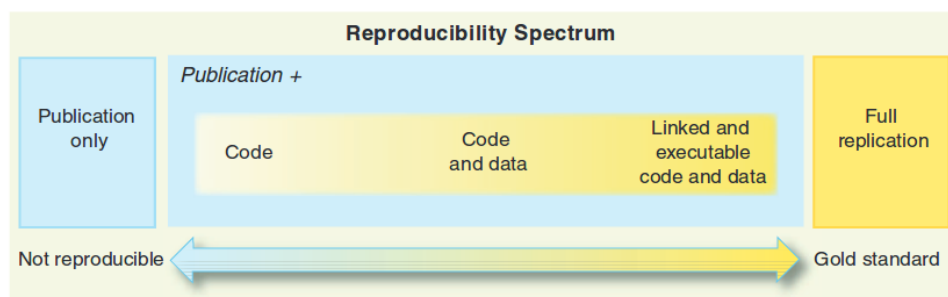


Figure 2.1: Continuo de reproducibilidad (extraído de Peng 2011)

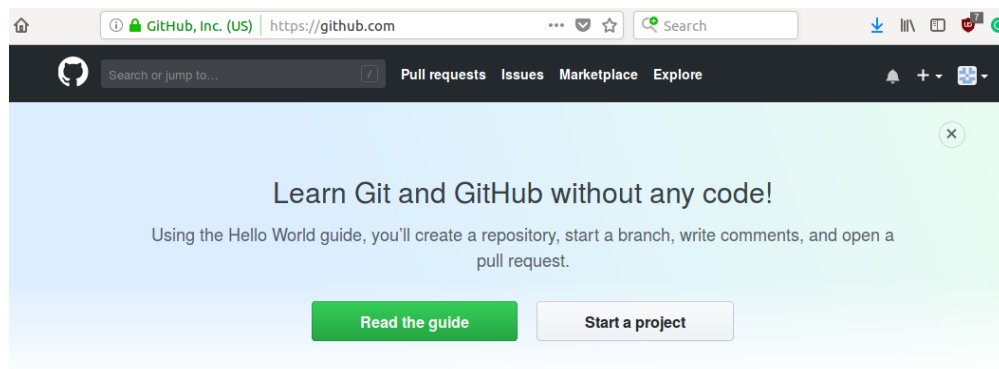


Figure 2.2: Para empezar un proyecto en github, debes presionar Start a project en tu página de inicio

Esto tiene muchas ventajas, incluyendo el que es más fácil aplicar exactamente los mismos métodos a otra base de datos. Basta poner la nueva base de datos en el formato que tenía el autor de la primera publicación y podremos comparar los resultados.

Además en un momento en que la ciencia está basada cada vez más en bases de datos, se puede poner en el código la recolección y/o muestreo de datos.

## 2.3 Guardando nuestro proyecto en github

### 2.3.1 Que es github?

Github es una suerte de dropbox o google drive pensado para la investigación reproducible, en donde cada proyecto es un *repositorio*. La mayoría de los investigadores que trabajan en investigación reproducible dejan todo su trabajo documentado en sus repositorios, lo cual permite interactuar con otros autores.

### 2.3.2 creando un proyecto de github en RStudio

Para crear un proyecto en github presionamos **start a project** en la página inicial de nuestra cuenta, como vemos en la figura 2.2

Luego se debe crear un nombre único, y sin cambiar nada más presiona **create repository** en el botón verde como vemos en la figura 2.3.

Esto te llevará a una página donde aparecerá una url de tu nuevo repositorio como en la figura 2.4

Para incorporar tu proyecto en tu repositorio, lo primero que debes hacer es generar un proyecto en RStudio. Para esto debes ir en el menú superior de *Rstudio* a *File > New Project > Git* como se ve en las figuras 2.5 y 2.5.

Luego seleccionar la ubicación del proyecto nuevo y pegar el url que aparece en la figura 2.4 en el espacio que dice **Repository URL:**, como muestra en la figura 2.7.

Cuando tu proyecto de R ya este siguiendo los cambios en github, te aparecerá una pestaña git dentro de la ventana superior derecha de tu sesión de RStudio, tal como vemos en la figura 2.8

### 2.3.3 Los tres principales pasos de un repositorio

Github es todo un mundo, existen muchas funciones y hay expertos en el uso de github. En este curso, nos enfocaremos en los 3 pasos principales de un repositorio: *add*, *commit* y *push*. Para entender bien qué

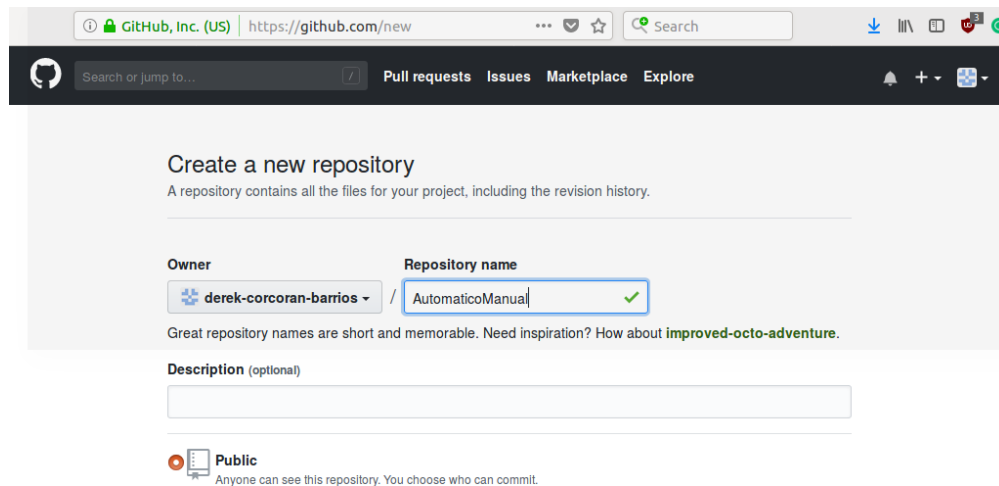


Figure 2.3: Crea el nombre de tu repositorio y apreta el boton create repository

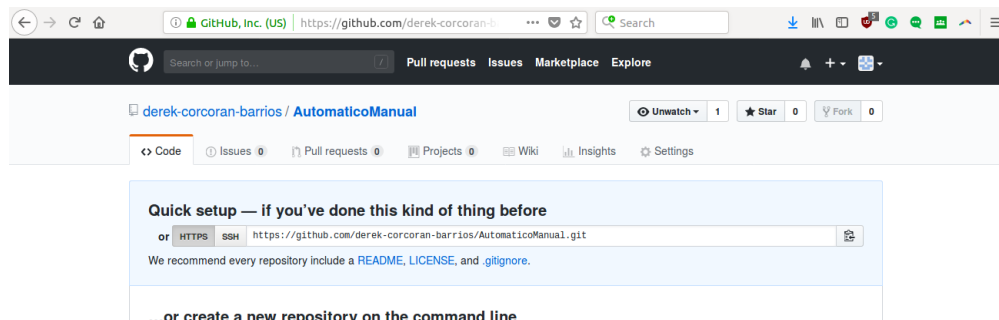


Figure 2.4: El contenido del cuadro en el cual dice ssh es la url de tu repisitorio

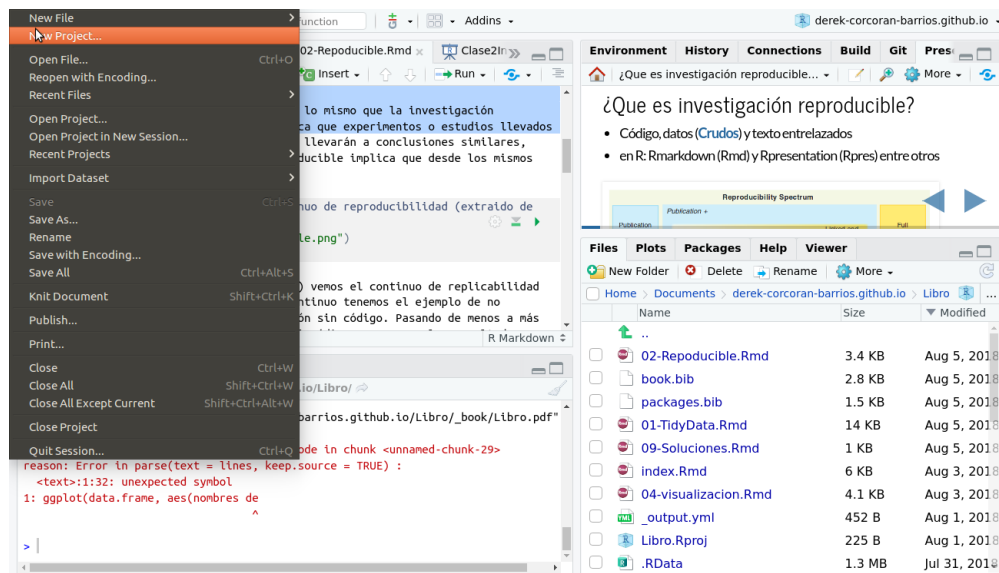


Figure 2.5: Menú para crear un proyecto nuevo

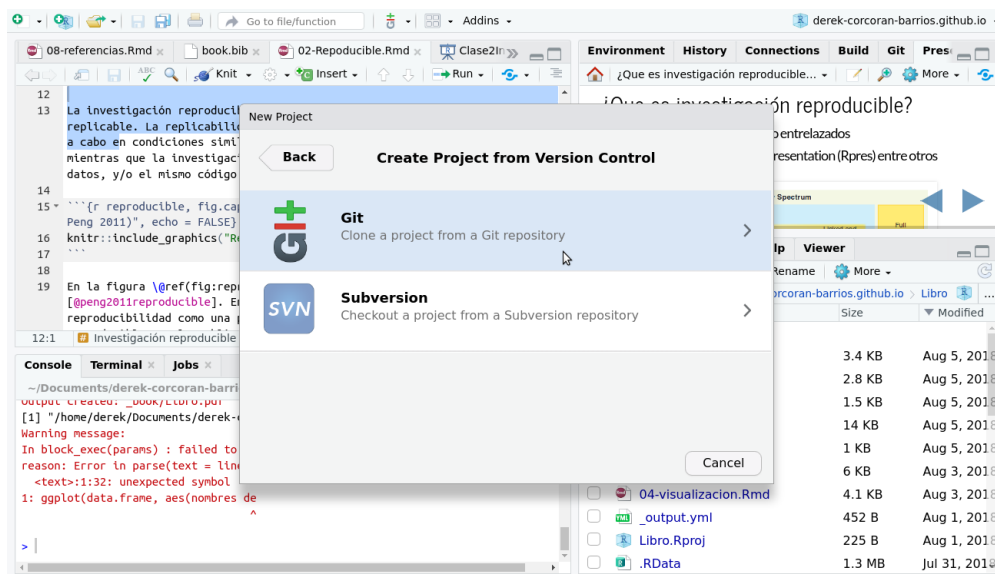


Figure 2.6: Seleccionar git dentro de las opciones

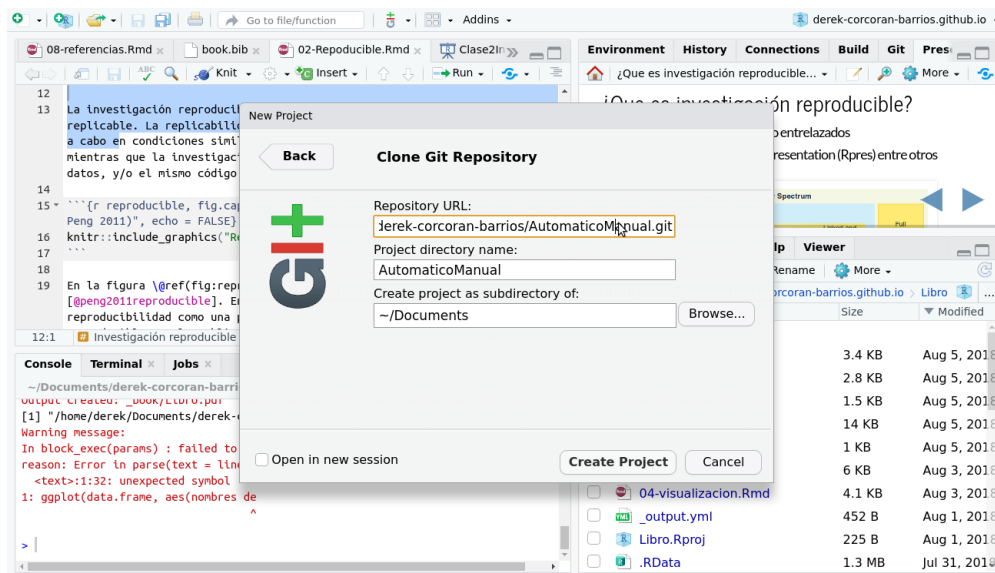


Figure 2.7: Pegar el url del repositorio en el cuadro de dialogo Repository URL:

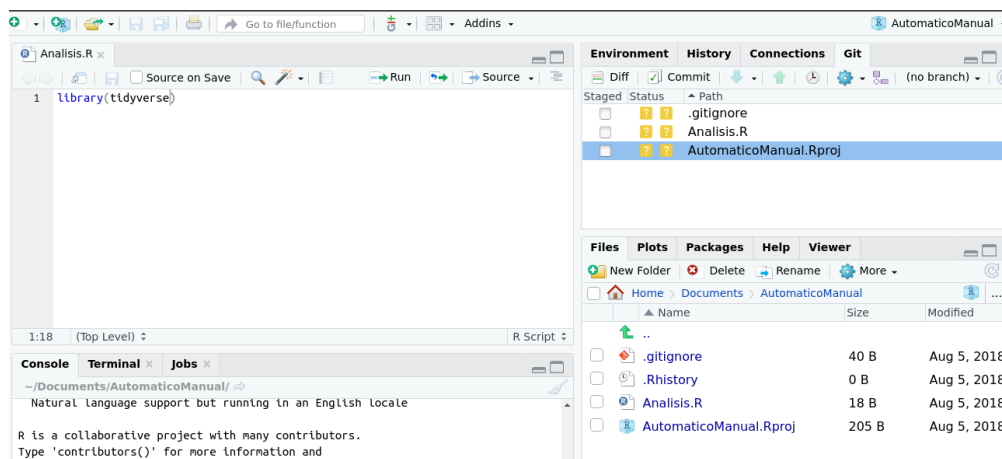


Figure 2.8: Al incluir tu repositorio en tu sesión de Rstudio, aparecera la pestaña git en la ventana superior derecha

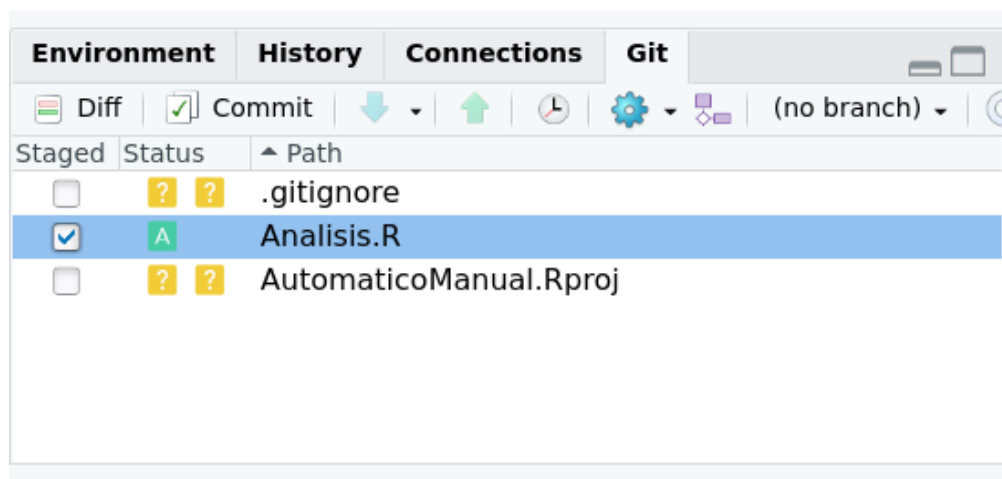


Figure 2.9: Al incluir tu repositorio en tu sesión de Rstudio, aparecera la pestaña git en la ventana superior derecha

significa cada uno de estos pasos, tenemos que entender que existen dos repositorios en todo momento: uno local (en tu computador) y otro remoto (en github.com). Los dos primeros pasos *add* y *commit*, solo generan cambios en tu repositorio local. Mientras que *push*, salva los cambios al repositorio remoto.

### 2.3.3.1 git add

Esta función es la que agrega archivos a tu repositorio local. Solo estos archivos serán guardados en github. Github tienen un límite de tamaño de repositorio de 1 GB y de archivos de 100 MB, ya que si bien te dan repositorios ilimitados, el espacio de cada uno no lo es, en particular en cuanto a bases de datos. Para adicionar un archivo a tu repositorio tan solo debes seleccionar los archivos en la pestaña git. Al hacer eso una letra A verde aparecerá en vez de los dos signos de interrogación amarillos, como vemos en la figura 2.9. En este caso solo adicionamos al repositorio el archivo *Analisis.r* pero no el resto.

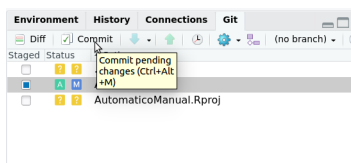


Figure 2.10: Para guardar los cambios en tu repositorio apretar commit en la pestaña git de la ventana superior derecha

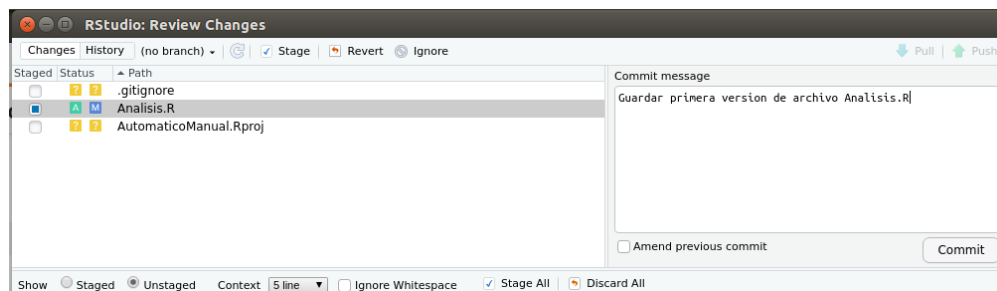


Figure 2.11: Escribir un mensaje que recuerde los cambios que hiciste en la ventana emergente

### 2.3.3.2 git commit

Cuando ocupas el comando *commit* estas guardando los cambios de los archivos que adicionaste en tu repositorio local. Para hacer esto en Rstudio, en la misma pestaña de git, debes presionar el botón *commit* como vemos en la figura 2.10.

Al presionar *commit*, se abrirá una ventana emergente, donde deberás escribir un mensaje que describa lo que guardarás. Una vez echo eso, presiona *commit* nuevamente en la ventana emergente como aparece en la figura 2.11.

### 2.3.3.3 git push

Finalmente, *push* te permitirá guardar los cambios en tu repositorio remoto, lo cual asegura tus datos en la nube y además lo hace disponible a otros investigadores. Luego de apretar *commit* en la ventana emergente (figura 2.11), podemos presionar *push* en la flecha verde de la ventana emergente como se ve el a figura 2.12. Luego se nos pedirá nuestro nombre de usuario y contraseña, y ya podemos revisar que nuestro repositorio esta online entrando a nuestra sesión de github.

## 2.4 Reproducibilidad en R

Existen varios paquetes que permiten que hagamos investigación reproducible en R, pero sin duda los más relevantes son *rmarkdown* y *knitr*. Ambos paquetes funcionan en conjunto cuando generamos un archivo *Rmd* (Rmarkdown), en el cual ocupamos al mismo tiempo texto, código de R y otros elementos para generar un documento word, pdf, página web, presentación y/o aplicación web (fig 2.13).

### 2.4.1 Creando un Rmarkdown

Para crear un archivo Rmarkdown, simplemente ve a el menu *File > New file > Rmarkdown* y con eso habrás creado un nuevo archivo *Rmd*. Veremos algunos de los elementos más típicos de un archivo Rmarkdown.

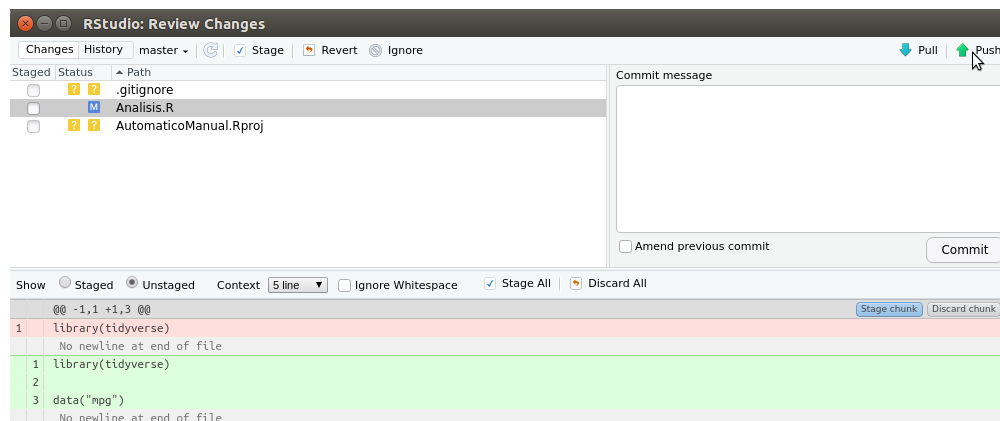


Figure 2.12: Para guardar en el repositorio remoto apretar push en la ventana emergente



Figure 2.13: El objetivo de Rmarkdown es el unir código de r con texto y datos para generar un documento reproducible

### 2.4.1.1 Markdown

El markdown es la parte del archivo en que simplemente escribimos texto, aunque tiene algunos detalles para el formato como generar texto en negrita, cursiva, títulos y subtítulos.

Para hacer que un texto este en **negrita**, se debe poner entre dos asteriscos **\*\*negrita\*\***, para que un texto aparezca en *cursiva* debe estar entre asteriscos *\*cursiva\**. Otros ejemplos son los títulos de distintos niveles, los cuales se denotan con distintos números de #, así los siguientes 4 títulos o subtítulos:

## subtitulo 1

### subtítulo 2

#### subtítulo 3

##### 2.4.1.1.1 subtítulo 4

se vería de la siguiente manera en el código

```
## subtitulo 1
### subtítulo 2
#### subtítulo 3
##### subtítulo 4
```

### 2.4.1.2 Chunks

Los *chunks* son una de las partes más importantes del un Rmarkdown. En estos es donde se agrega el código de R (u otros lenguajes de programación). Lo cual permite que el producto de nuestro código no sea sólo un escrito con resultados pegados, sino que efectivamente generados en el mismo documento que nuestro escrito. La forma más fácil de agregar un chunk es apretando el botón de *insert chunk* en Rstudio, este boton se encuentra en la ventana superior izquierda de nuestra sesión de RStudio, tal como se muestra en la figura 2.14

Al apretar este botón aparecera un espacio, ahí se puede agregar un código como el que aparece a continuación, y ver a continuación los resultados.

```
```{r}
library(tidyverse)
iris %>% group_by(Species) %>% summarize(Petal.Length = mean(Petal.length))
```
```

```
## # A tibble: 3 x 2
##   Species    Petal.Length
##   <fct>         <dbl>
## 1 setosa         1.46
## 2 versicolor    4.26
## 3 virginica     5.55
```



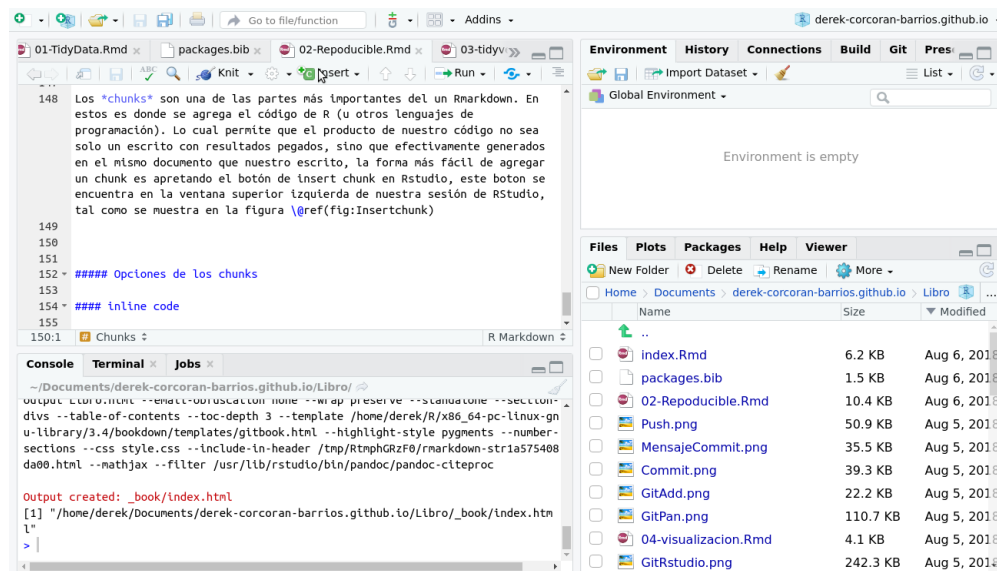


Figure 2.14: Al apretar el botón insert chunk, aparecera un espacio en el cuál insertar código

#### 2.4.1.2.1 Opciones de los chunks

Existen muchas opciones para los chunks, una documentación completa podemos encontrarle en el siguiente link, pero acá mostraremos los más comunes:

- `echo` = T o F muestro o no el código, respectivamente
- `message` = T o F muestra mensajes de paquetes, respectivamente
- `warning` = T o F muestra advertencias, respectivamente
- `eval` = T o F evaluar o no el código, respectivamente
- `cache` = T o F guarda o no el resultado, respectivamente

#### 2.4.1.3 inline code

Los *inline codes* son útiles para agregar algún valor en el texto, como por ejemplo el valor de `p` o la media. Para usarlo, se debe poner un backtick (comilla simple hacia atrás), `r`, el código en cuestion y otro backtick como se ve a continuación ``r R_código``. No podemos poner cualquier cosa en un *inline code*, ya que sólo puede generar vectores, lo cuál muchas veces requiere de mucha creatividad para lograr lo que queremos. Por ejemplo si se quisiera poner el promedio del largo del sépal de la base da dato `iris` en un *inline code* pondríamos ``r mean(iris$Sepal.Length)``, lo cual resultaría en 5.8433333. Como en un texto se vería extraño un número con 7 cifras significativas, querríamos usar ademas la función `round`, para que tenga 2 cifras significativas, para eso ponemos el siguiente inline code ``r round(mean(iris$Sepal.Length),2)`` que da como resultado 5.84. Esto se puede complejizar más aún si se quiere trabajar con una tabla resumen. Por ejemplo, si quisiéramos listar el promedio del tamaño de sépal usaríamos `summarize` de `dplyr`, pero esto nos daría como resultado un data.frame, el cual no aparece si intentamos hacer un inline code. Partamos por ver como se vería el código donde obtuvieramos la media del tamaño del sépal.

```
iris %>% group_by(Species) %>% summarize(Mean = mean(Sepal.Length))
```

El resultado de ese código lo veríamos 2.1

Para sacar de este data frame el vector de la media podríamos subsetearlo con el signo `$`. Entonces si queremos sacar como vector la columna *Mean* del data frame que creamos, haríamos lo siguiente ``r (iris %>%`

Table 2.1: Resumen del promedio del largo de sépalo de las flores del genero Iris.

| Species    | Mean  |
|------------|-------|
| setosa     | 5.006 |
| versicolor | 5.936 |
| virginica  | 6.588 |

Table 2.2: Promedio por especie de todas las variables de la base de datos iris.

| Species    | Sepal.Length | Sepal.Width | Petal.Length | Petal.Width |
|------------|--------------|-------------|--------------|-------------|
| setosa     | 5.006        | 3.428       | 1.462        | 0.246       |
| versicolor | 5.936        | 2.770       | 4.260        | 1.326       |
| virginica  | 6.588        | 2.974       | 5.552        | 2.026       |

`group_by(Species) %>% summarize(Mean = mean(Sepal.Length))$Mean``. Esto daría como resultado 5.006, 5.936, 6.588.

## 2.4.2 Ejercicios

### 2.4.2.1 Ejercicio 1

Usando la base de datos *iris*, crea un inline code que diga cuál es la media del largo del pétalo de la especie *Iris virginica*

La solución a este ejercicio se encuentra en el capítulo 8

### 2.4.2.2 Tablas en Rmarkdown

La función más típica para generar tablas en un archivo *rmd* es `kable` del paquete *knitr*, que en su forma más simple se incluye un dataframe como único argumento. Además de esto, podemos agregar algunos parámetros como *caption*, que nos permite poner un título a la tabla o *row.names*, que si se pone como se ve en el código (FALSE) no mostrará en la tabla los nombres de las filas, tal como se ve en la tabla 2.2.

```
DF <- iris %>% group_by(Species) %>% summarize_all(mean)
kable(DF, caption = "Promedio por especie de todas las variables de la base de datos iris.",
      row.names = FALSE)
```

## Chapter 3

# El Tidyverso y tidyr

### 3.1 Paquetes necesarios para este capítulo

Para este capítulo necesitas tener instalado el paquete *tidyverse* y el paquete *dismo* para uno de los ejercicios.

En este capítulo se explicará qué es el paquete *tidyverse* (Wickham, 2017) y cuales son sus componentes. Además veremos las funciones del paquete *tidyr* (Wickham and Henry, 2018) con sus dos funciones **gather** y **spread**.

Dado que este libro es un apoyo para el curso BIO4022, esta clase puede también ser seguida en este link. El video de la clase se encontrará disponible en este link.

### 3.2 El tidyverso

El tidyverso se refiere al paquete tidyverse, el cual es una colección de paquetes coherentes, que tienen una gramática, filosofía y estructura similar. Todos se basan en la idea de tidy data propuesta por Hadley Wickham (Wickham et al., 2014).

Los paquetes que forman parte del tidyverso son:

- readr (ya la estamos usando)
- dplyr (Clase anterior)
- tidyr (Hoy)
- ggplot2 (Próxima clase)
- purrr (En clase sobre loops)
- forcats (Para variables categóricas)
- stringr (Para caracteres, Palabras)

#### 3.2.1 readr

El paquete *readr* (Wickham et al., 2017) tiene como función el importar (leer) y exportar archivos. Dado que en general nosotros usaremos archivos del tipo *csv*, para este tipo de archivos, *readr* tiene la función **read\_csv**. Para exportar un archivo ocupamos la función **write\_csv**. Ambas funciones son 10 veces más rápidas que las versiones de r base. Para más información sobre este revisar su página oficial.

### 3.2.2 dplyr

Este paquete sirve para modificar variables y sus detalles los vimos en el capítulo 1. Los cinco verbos principales que tiene son **mutate** para generar nuevas variables y que vienen de variables ya existentes, **select** para seleccionar variables basadas en su nombre, **filter** para seleccionar filas de acuerdo a si cumplen o no con condiciones en una o mas variables, **summarize** para resumir las variables, y **arrange** para reordenar las filas de acuerdo a alguna variable. Para más información sobre este paquete revisar su página oficial.

### 3.2.3 tidyr

Con sólo dos funciones: **gather** y **spread**. El paquete *tidyr* (Wickham and Henry, 2018) tiene como finalidad el tomar bases de datos no tidy y transformarlas en tidy (datos limpios y ordenados). Para esto, **gather** transforma tablas anchas en largas y **spread** transforma tablas anchas en larga. En este capítulo explicaremos en más detalle estos dos verbos. Para más información sobre este paquete revisar su página oficial.

### 3.2.4 ggplot2

Una vez que una base de datos está en formato tidy, podemos usar *ggplot2* (Wickham, 2016) para visualizar estos datos. Los datos pueden ser categóricos, continuos e incluso espaciales en conjunto con el paquete *sf*. Este paquete es el más antiguo del *tidyverse* y por ello posee una gramática un poco diferente. Hablaremos más de este paquete en el capítulo 4. Por ahora si se quiere aprender más sobre *ggplot2* se puede revisar la página oficial

### 3.2.5 purrr

*Purrr* (Henry and Wickham, 2018) permite formular loops de una forma más sencilla e intuitiva que los **for** loops. Utilizando sus funciones **map**, **map2**, **walk** y **reduce** podemos realizar loops dentro de la gramática del tidyverse. Trabajaremos en este paquete en el capítulo 6. Como siempre puedes encontrar más información en su página oficial

### 3.2.6 forcats

Trabajar con factores es una de las labores más complejas en R, es por eso que se creó el paquete *forcats* (Wickham, 2018a). Si bien no hay un capítulo en este libro en el cuál se trabajará exclusivamente con este paquete, se utilizará al menos una función en el capítulo 4

### 3.2.7 stringr

El modificar variables de texto para hacer que las variables tengan sentido humano es algo muy importante, para este tipo de modificaciones se utiliza el paquete *stringr* (Wickham, 2018b). En este capítulo, para algunos ejercicios, introduciremos algunas funcionalidades de este paquete. Para más información revisar su página oficial.

## 3.3 tidyr

Este paquete como ya fue explicado en la sección anterior, solo posee dos funciones: **gather** y **spread**. Estas funciones sirven para pasar de tablas anchas a largas y viceversa, pero ¿qué significa que la misma información sea presentada en una tabla larga o en una tabla ancha?

Table 3.1: Tabla ancha.

| Sepal.Length | Sepal.Width | Petal.Length | Petal.Width | Species    |
|--------------|-------------|--------------|-------------|------------|
| 5.1          | 3.5         | 1.4          | 0.2         | setosa     |
| 7.0          | 3.2         | 4.7          | 1.4         | versicolor |
| 6.3          | 3.3         | 6.0          | 2.5         | virginica  |

Table 3.2: Tabla larga.

| Species    | Atributos_florales | Medidas |
|------------|--------------------|---------|
| setosa     | Sepal.Length       | 5.1     |
| versicolor | Sepal.Length       | 7.0     |
| virginica  | Sepal.Length       | 6.3     |
| setosa     | Sepal.Width        | 3.5     |
| versicolor | Sepal.Width        | 3.2     |
| virginica  | Sepal.Width        | 3.3     |
| setosa     | Petal.Length       | 1.4     |
| versicolor | Petal.Length       | 4.7     |
| virginica  | Petal.Length       | 6.0     |
| setosa     | Petal.Width        | 0.2     |
| versicolor | Petal.Width        | 1.4     |
| virginica  | Petal.Width        | 2.5     |

Tomemos por ejemplo dos tablas. En la tabla 3.1 vemos una tabla ancha y en la tabla 3.2 una tabla larga.

### 3.3.0.1 DATO

Usualmente las tablas anchas son mejores para ser mostradas ya que se distinguen más fácilmente las variables trabajadas, mientras que las tablas largas son mejores para programar y hacer análisis.

## 3.3.1 gather

Esta función nos permite pasar de una tabla ancha a una larga. En muchos casos esto es necesario para generar una base de datos *tidy*, y en otras ocasiones es importante para generación de gráficos que necesitamos tal como veremos en el capítulo 4. En esta función partimos con un data frame y luego tenemos 3 argumentos: en el primero **key**, ponemos el nombre de la variable que va a llevar como observaciones los nombres de las columnas; luego en el argumento **value**, ponemos el nombre de la columna que llevará los valores de cada columna al transformarse en una columna larga; Por último hay un argumento (sin nombre), en el cual ponemos las columnas que queremos que sean “*alargadas*”, o con un signo negativo, las que no queremos que sean parte de esta transformación. Todo esto quedará más claro en el siguiente ejemplo.

### 3.3.1.1 Ejemplo de los censos

Supongamos que un estudiante de biología va a realizar un censo en un parque nacional por tres días y genera la siguiente tabla (el código a continuación es el que permite generar el data frame observado en la tabla 3.3)

Table 3.3: Abundancia detectada por especie en tres días de muestreo

| dia       | Lobo | Liebre | Zorro |
|-----------|------|--------|-------|
| Lunes     | 2    | 20     | 4     |
| Martes    | 1    | 25     | 4     |
| Miercoles | 3    | 30     | 4     |

Table 3.4: Abundancia detectada por especie en tres días de muestreo

| Columnas | Valores   |
|----------|-----------|
| dia      | Lunes     |
| dia      | Martes    |
| dia      | Miercoles |
| Lobo     | 2         |
| Lobo     | 1         |
| Lobo     | 3         |
| Liebre   | 20        |
| Liebre   | 25        |
| Liebre   | 30        |
| Zorro    | 4         |
| Zorro    | 4         |
| Zorro    | 4         |

```
df_cuentas <- data.frame(dia = c("Lunes", "Martes", "Miercoles"),
  Lobo = c(2, 1, 3), Liebre = c(20, 25, 30), Zorro = c(4, 4,
    4))
```

Claramente esta base de datos no es tidy, ya que deberíamos tener una columna para la variable día, otra para especie y por último una para la abundancia de cada especie en cada día. Antes de mostrar como realizaríamos esto con `gather`, veamos sus efectos para entenderlo mejor. La forma más básica de usar esta función sería el solo darle un nombre a la columna *key* (que tendrá el nombre de las columnas) y otro a *value*, que tendría el valor de las celdas. Veamos que ocurre si hacemos eso en el siguiente código y tabla 3.4.

```
library(tidyverse)
DF_largo <- df_cuentas %>% gather(key = Columnas, value = Valores)
```

Como vemos en la tabla 3.4, en la columna llamada *Columnas*, tenemos sólo los nombres de las columnas de la tabla 3.3, y en la columna *Valores*, tenemos los valores encontrados en la tabla 3.3. Sin embargo, para tener las tres columnas que deseábamos tener (día, especie y abundancia), necesitamos que la variable día no participe de este “*alargamiento*”, para esto lo que haríamos sería lo siguiente:

```
DF_largo <- df_cuentas %>% gather(key = Columnas, value = Valores,
  -dia)
```

Al agregar `-dia` como tercer argumento quitamos esa variable del día en el “*alargamiento*”, en ese caso obtenemos la tabla 3.5. Ahora sólo falta arreglar los nombres.

Para cambiar los nombres de las columnas que nos faltan, sólo cambiamos los valores de los argumentos `key` y `value` como se ve a continuación y en la tabla 3.6.

Table 3.5: Abundancia detectada por especie en tres días de muestreo

| dia       | Columnas | Valores |
|-----------|----------|---------|
| Lunes     | Lobo     | 2       |
| Martes    | Lobo     | 1       |
| Miercoles | Lobo     | 3       |
| Lunes     | Liebre   | 20      |
| Martes    | Liebre   | 25      |
| Miercoles | Liebre   | 30      |
| Lunes     | Zorro    | 4       |
| Martes    | Zorro    | 4       |
| Miercoles | Zorro    | 4       |

Table 3.6: Abundancia detectada por especie en tres días de muestreo

| dia       | Especie | Abundancia |
|-----------|---------|------------|
| Lunes     | Lobo    | 2          |
| Martes    | Lobo    | 1          |
| Miercoles | Lobo    | 3          |
| Lunes     | Liebre  | 20         |
| Martes    | Liebre  | 25         |
| Miercoles | Liebre  | 30         |
| Lunes     | Zorro   | 4          |
| Martes    | Zorro   | 4          |
| Miercoles | Zorro   | 4          |

```
DF_largo <- df_cuentas %>% gather(key = Especie, value = Abundancia,
  -dia)
```

### 3.3.2 spread

`spread` es la función inversa a `gather`, esto es, toma una tabla de datos en formato ancho y la transforma en una base de datos de formato largo. Esta función tiene dos argumentos básicos. *key* que es el nombre de la variable que pasará a ser nombres de columna y *value*, que es el nombre de la columna con los valores que llenarán estas columnas.

#### 3.3.2.1 Continuación ejemplo de censos

Volvamos al ejemplo de los censos donde quedamos, en nuestro último ejercicio creamos el data frame *DF\_largo* que vemos en la tabla 3.6. Veremos algunos ejemplos de como podemos cambiar este data frame en una tabla ancha:

```
DF_ancho <- DF_largo %>% spread(key = dia, value = Abundancia)
```

Con el código anterior generamos la 3.7, la cuál es distinta a la original en la tabla 3.3), en esta los días quedaron como nombres de columnas, y las especies pasaron a ser una variable.

Table 3.7: Abundancia detectada por especie en tres días de muestreo

| Especie | Lunes | Martes | Miercoles |
|---------|-------|--------|-----------|
| Liebre  | 20    | 25     | 30        |
| Lobo    | 2     | 1      | 3         |
| Zorro   | 4     | 4      | 4         |

Table 3.8: Todas las opciones a probar para generar una tabla ancha

| Key        | Value      |
|------------|------------|
| Especie    | dia        |
| Abundancia | dia        |
| dia        | Especie    |
| Abundancia | Especie    |
| dia        | Abundancia |
| Especie    | Abundancia |

En la tabla 3.8 se ven todas las opciones de como generar una tabla ancha en base a el data frame *DF\_largo*, pruebe opciones hasta entender la función, algunas de estas opciones darán errores.

## 3.4 Ejercicios

### 3.4.1 Ejercicio 1

Utilizando el siguiente código usando el paquete *dismo* bajaras la base de datos del *GBIF* (Global Biodiversity Information Facility) de presencias conocidas del huemul (*Hippocamelus bisulcus*):

```
library(dismo)
Huemul <- gbif("Hippocamelus", "bisulcus", down = TRUE)
colnames(Huemul)
```

Tomando la base de datos generada:

- Quedarse con solo las observaciones que tienen coordenadas geograficas
- Determinar cuantas observaciones son de observacion humana y cuantas de especimen de museo

### 3.4.2 Ejercicio 2

Entrar a INE ambiental y bajar la base de datos de Dimensión Aire.

- Generar una base de datos **tidy** con las siguientes 5 columnas
  - El nombre de la localidad donde se encuentra la estación
  - El año en que se tomo la medida
  - El mes en que se tomo la medida
  - La temperatura media de ese mes



- La media del mp25 de ese mes
  - Humedad relativa media mensual
- b. De la base de datos anterior obtener un segundo data frame en la cual calculen para cada variable y estación la media y desviación estandar para cada mes



## Chapter 4

# Visualización de datos

En este capítulo aprenderemos a usar el paquete *ggplot2* (Wickham, 2016), parte del paquete *tidyverse* (Wickham, 2017).

### 4.1 El esqueleto

El esqueleto de una visualización usando *ggplot2* es la siguiente

```
ggplot(data.frame, aes(nombres_de_columna)) + geom_algo(argumentos,  
  aes(columnas)) + theme_algo()
```

Como ejemplo para discutir usaremos el siguiente código que genera la figura 4.1:

```
library(tidyverse)  
data("diamonds")  
ggplot(diamonds, aes(x = carat, y=price)) + geom_point(aes(color = cut)) + theme_classic()
```

En este caso general, lo primero que ponemos después de *ggplot* es el *data.frame* desde el cuál graficaremos algo, en el ejemplo de la figura 4.1 usamos la base de datos *diamonds* del paquete *ggplot2* (Wickham, 2016). Luego dentro de *aes* ponemos las columnas que graficaremos como *x* y/o *y*, en nuestro ejemplo dentro de *aes* ponemos como eje *x* los kilates de los diamantes (*carat*) y como *y* el precio de los mismos (*price*). La necesidad de poner *aes* en *ggplot2* (algo que no había sido necesario cuando usamos *dplyr* o *tidyr*) es que *ggplot2* es el paquete mas antiguo del *tidyverse*.

### 4.2 geom\_algo

Luego de especificar una base de datos, esto viene seguido de un *geom\_algo*, esto nos indicará que tipo de gráfico usaremos, estos pueden ser combinados como veremos en ejemplos futuros

#### 4.2.1 Una variable categórica una continua

Primero veremos algunos de los *geom* que podemos utilizar con una variable categórica y una continua

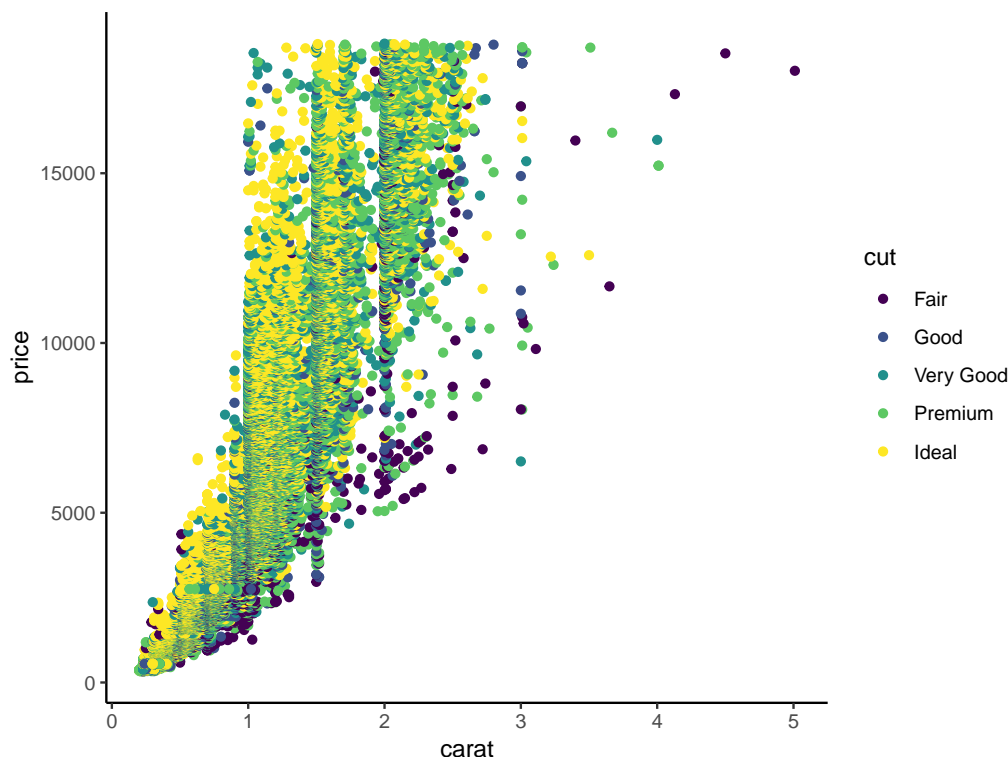


Figure 4.1: Gráfico en el cual graficamos los quilates de diamantes versus su precio, con el corte del diamante representado por el color

#### 4.2.1.1 geom\_boxplot

En la figura 4.2, generado a partir del código a continuación con la base de datos iris presente en R (Anderson, 1935).

```
data("iris")
ggplot(iris, aes(x = Species, y = Sepal.Length)) + geom_boxplot()
```

Los boxplots muestran una línea gruesa central (la mediana), una caja, que delimita el primer y tercer cuartil, y los bigotes, los cuales se extienden hasta los valores extremos. A menos que estos estén por sobre 1.5 veces la distancia entre el primer y tercer cuartil, en cuyo caso se consideran outliers, y estos son representados por puntos. En la figura 4.2, solo *Iris virginica* presenta un outlier en cuanto a las medidas del largo del sepalo.

Los boxplots, como todos los gráficos pueden ser personalizados usando otros argumentos, los cuales son detallados en la sección 4.3, pero en los ejemplos que mostraremos en esta sección los iremos introduciendo de a poco. Si quisiéramos por ejemplo que el color de las cajas del *boxplot* fuera de acuerdo a la especie, cambiamos el llenado (*fill*) de la caja, como vemos en el siguiente ejemplo y figura 4.3

```
ggplot(iris, aes(x = Species, y = Sepal.Length)) + geom_boxplot(aes(fill = Species))
```

Dos cosas a notar en este ejemplo, por un lado la leyenda se genera de forma automática, y por otro lado, vemos que es necesario poner *Species* dentro de *aes*, esto es debido a que *Species* es una columna y como se explicó al principio de este capítulo, todas las columnas deben ser incluidas dentro de la función *aes* para poder ser referenciadas.

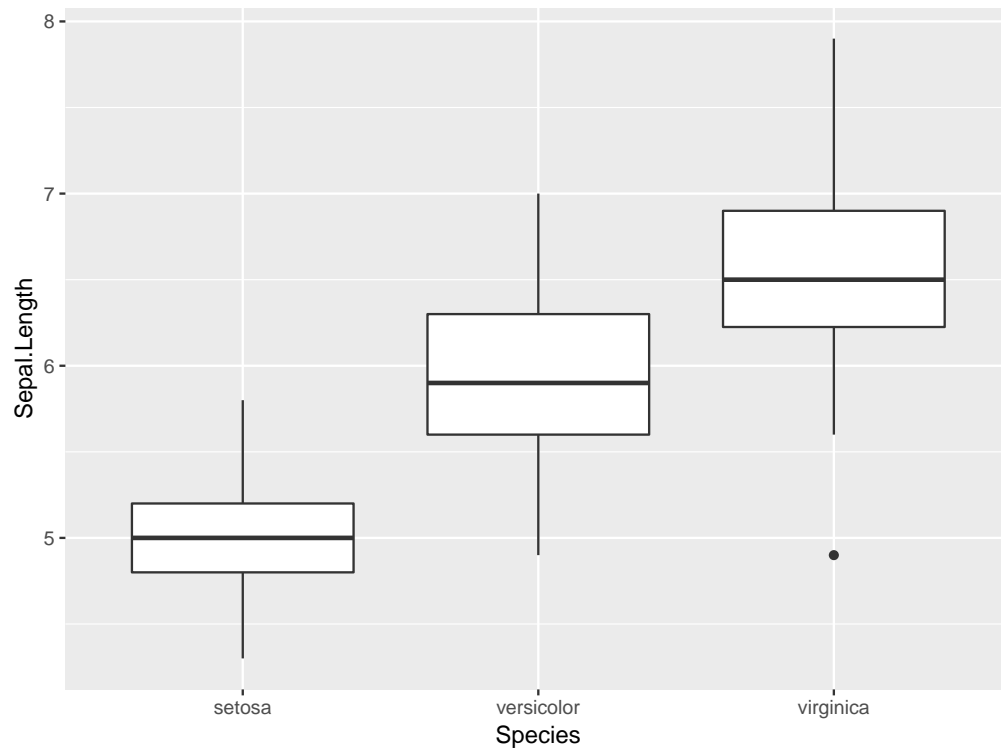


Figure 4.2: Boxplot que representa los largos del sépalo de tres especies del género Iris

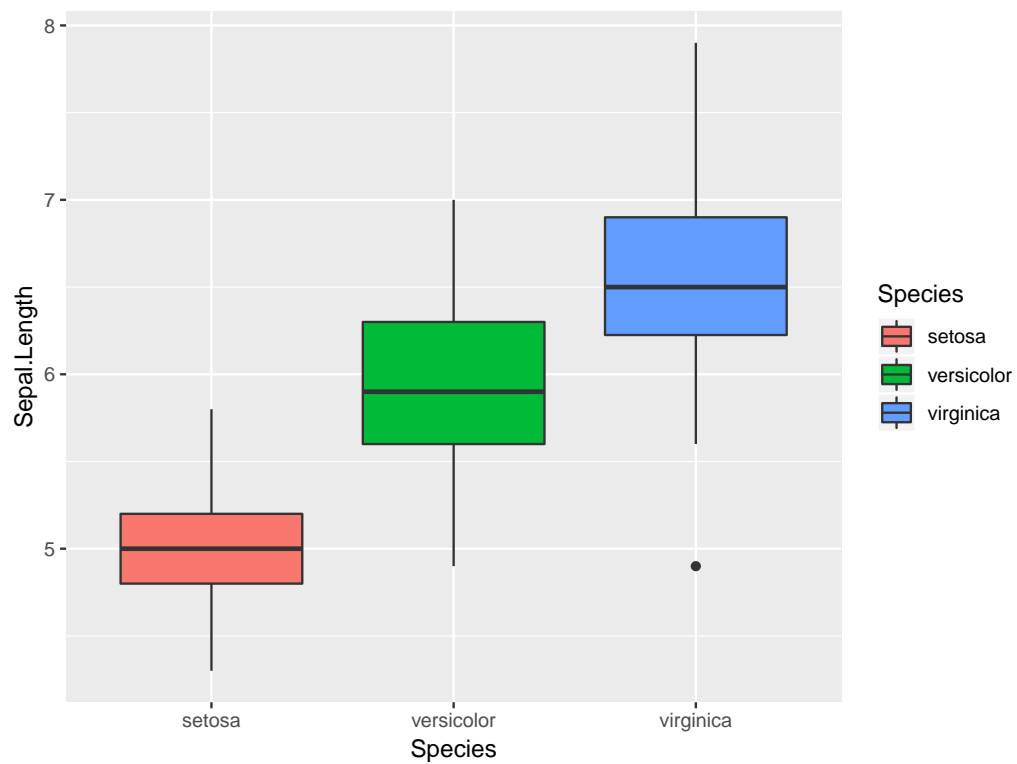


Figure 4.3: Boxplot que representa los largos del sépalo de tres especies del género Iris, en este caso el color de la caja representa la especie

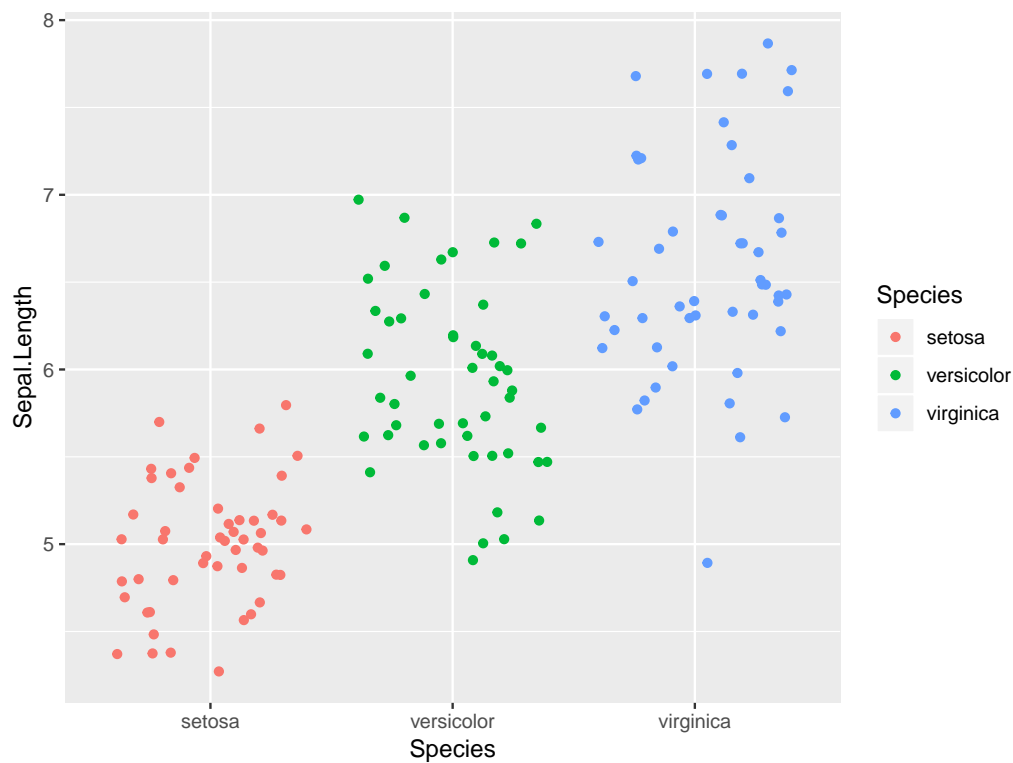


Figure 4.4: Boxplot que representa los largos del sépalo de tres especies del género Iris, en este caso el color de la caja representa la especie

#### 4.2.1.2 geom\_jitter

```
ggplot(iris, aes(x = Species, y = Sepal.Length)) + geom_jitter(aes(color = Species))
```

## 4.3 Argumentos

## Chapter 5

# Modelos en R

We have finished a nice book.





## Chapter 6

# Loops (purrr) y bibliografía (rticles)



## Chapter 7

# Presentaciones en R



## Chapter 8

# Soluciones a problemas

Todos los problemas en programación tienen más de una forma de llegar a ellos, es por esto que las soluciones acá mostradas deben tomarse solo como una referencia, y revisar si el resultado final de tu código (aunque sea distinto de este), sea igual al que presentamos.

### 8.1 Capítulo 1

#### 8.1.1 Ejercicio 1

Algunas posibles soluciones:

```
storms %>% filter(status == "hurricane") %>% select(year, wind,
  hu_diameter) %>% group_by(year) %>% summarize_all(mean)
```

```
storms %>% filter(status == "hurricane" & !is.na(hu_diameter)) %>%
  select(year, wind, hu_diameter) %>% group_by(year) %>% summarize_all(mean)
```

```
storms %>% filter(status == "hurricane") %>% select(year, wind,
  hu_diameter) %>% group_by(year) %>% summarize_all(funs(mean),
  na.rm = TRUE)
```

#### 8.1.2 Ejercicio 2

Una de las soluciones posibles:

```
Solution <- mpg %>% filter(year > 2004 & class == "compact") %>%
  mutate(kpl = (cty * 1.609)/3.78541)
```

### 8.2 Capítulo 2

#### 8.2.1 Ejercicio 1

Una posible solución a este problema sería:

```
`r mean((iris %>% filter(Species == "virginica"))$Petal.Length)`
```

## 8.3 Capítulo 3

### 8.3.1 Ejercicio 1

#### 8.3.1.1 a

```
Sola <- Huemul %>% dplyr::select(lon, lat, basisOfRecord) %>%
  filter(!is.na(lat) & !is.na(lon))
```

| lon       | lat       | basisOfRecord      |
|-----------|-----------|--------------------|
| -72.93940 | -49.37483 | HUMAN_OBSERVATION  |
| -72.97712 | -51.01511 | HUMAN_OBSERVATION  |
| -71.87026 | -46.08686 | HUMAN_OBSERVATION  |
| -72.43751 | -47.20485 | HUMAN_OBSERVATION  |
| -73.01456 | -51.03635 | HUMAN_OBSERVATION  |
| -73.03190 | -51.17531 | HUMAN_OBSERVATION  |
| -72.72944 | -46.25602 | HUMAN_OBSERVATION  |
| -71.31538 | -41.30110 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -71.31538 | -41.30110 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -71.71667 | -44.86667 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -71.71667 | -44.86667 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -71.30989 | -40.81978 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -71.31538 | -41.30110 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -73.02467 | -50.46476 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -71.33186 | -41.26523 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -73.01764 | -50.46747 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -71.70000 | -45.26667 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -71.70000 | -45.26667 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -71.70000 | -45.26667 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -72.08000 | -47.25000 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -72.00000 | -41.50000 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -71.36714 | -41.13574 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -71.71094 | -42.75692 | HUMAN_OBSERVATION  |
| -71.64718 | -40.22605 | PRESERVED_SPECIMEN |
| -67.88534 | -43.99376 | PRESERVED_SPECIMEN |

#### 8.3.1.2 b

```
Solb <- Huemul %>% group_by(basisOfRecord) %>% summarize(N = n())
```

| basisOfRecord      | N   |
|--------------------|-----|
| HUMAN_OBSERVATION  | 102 |
| PRESERVED_SPECIMEN | 65  |

# Bibliography

- Allaire, J., Xie, Y., McPherson, J., Luraschi, J., Ushey, K., Atkins, A., Wickham, H., Cheng, J., and Chang, W. (2018). *rmarkdown: Dynamic Documents for R*. R package version 1.10.
- Anderson, E. (1935). The irises of the gaspe peninsula. *Bulletin of the American Iris society*, 59:2–5.
- Henderson, H. V. and Velleman, P. F. (1981). Building multiple regression models interactively. *Biometrics*, pages 391–411.
- Henry, L. and Wickham, H. (2018). *purrr: Functional Programming Tools*. R package version 0.2.5.
- Hlavac, M. (2018). *stargazer: Well-Formatted Regression and Summary Statistics Tables*. Central European Labour Studies Institute (CELSI), Bratislava, Slovakia. R package version 5.2.2.
- Kross, S., Carchedi, N., Bauer, B., and Grdina, G. (2017). *swirl: Learn R, in R*. R package version 2.4.3.
- Leek, J. (2015). The elements of data analytic style. *J. Leek*.—Amazon Digital Services, Inc.
- Peng, R. D. (2011). Reproducible research in computational science. *Science*, 334(6060):1226–1227.
- R Core Team (2018). *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Wickham, H. (2016). *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer-Verlag New York.
- Wickham, H. (2017). *tidyverse: Easily Install and Load the 'Tidyverse'*. R package version 1.2.1.
- Wickham, H. (2018a). *forcats: Tools for Working with Categorical Variables (Factors)*. R package version 0.3.0.
- Wickham, H. (2018b). *stringr: Simple, Consistent Wrappers for Common String Operations*. R package version 1.3.1.
- Wickham, H. et al. (2014). Tidy data. *Journal of Statistical Software*, 59(10):1–23.
- Wickham, H. and Henry, L. (2018). *tidyr: Easily Tidy Data with 'spread()' and 'gather()' Functions*. R package version 0.8.1.
- Wickham, H., Hester, J., and Francois, R. (2017). *readr: Read Rectangular Text Data*. R package version 1.1.1.
- Xie, Y. (2015). *Dynamic Documents with R and knitr*. Chapman and Hall/CRC, Boca Raton, Florida, 2nd edition. ISBN 978-1498716963.