Práctica Programación R

Fernández Hernádez Alberto

26/11/2020

NOTA: salvo determinados apartados, la solución a cada uno de los ejercicios se ha llevado a cabo por medio de funciones definidas, integrando el código en una misma estructura.

Pregunta 1. Un boleto del sorteo de la ONCE consta de dos partes, la primera es un número de 4 dígitos y la segunda es un número de tres dígitos que forman la serie del boleto.

Aquí consideramos sólo el número, por ejemplo, 0209. Se pide:

a) Genera todos los números que entran en el sorteo de la ONCE y mostrarlos con los cuatro dígitos.

Para generar todos los posibles números de cuatro dígitos, debemos pensar en todas las posibilidades de combinación. Dado que cada casilla puede valer un número comprendido entre 0 y 9, pudiendo repetirse en más de una ocasión, nos encontramos ante una **variación con repetición**. Por tanto, el número de posibles combinaciones es de:

$$10 * 10 * 10 * 10 = 10^4 = 10000$$

Considerando lo anterior, crearemos una función denominada **generar_boletos**, cuyo único parámetro será el número de dígitos que forman la serie. En primer lugar, dado que cada número se puede repetir num_digitos veces (una por cada posición), repetiremos la lista de posibles números (0-9) tantas veces como dígitos tenga el número. Finalmente, mediante la función *expand.grid* se genera un DataFrame con todas las posibles combinaciones a partir del vector anterior (de cara al apartado b):

```
generar_boletos <- function(num.digitos) {
  numeros <- seq(0,9)
  lista.combinaciones <- rep(list(numeros), num.digitos)
  expand.grid(lista.combinaciones)
}
# Prueba
df.combinaciones.sorteo <- generar_boletos(4)
```

Una vez ejecutada la función, echemos un primer vistazo al DataFrame:

```
head(df.combinaciones.sorteo)
```

```
##   Var1 Var2 Var3 Var4
## 1    0    0    0    0
## 2    1    0    0    0
## 3    2    0    0    0
## 4    3    0    0    0
## 5    4    0    0    0
## 6    5    0    0    0
```

```r
tail(df.combinaciones.sorteo)
```

```
##       Var1 Var2 Var3 Var4
## 9995     4    9    9    9
## 9996     5    9    9    9
## 9997     6    9    9    9
## 9998     7    9    9    9
## 9999     8    9    9    9
## 10000    9    9    9    9
```

```r
# Comprobamos que el numero de filas es 10000
nrow(df.combinaciones.sorteo)
```

```
## [1] 10000
```

Como podemos comprobar, el número de filas del DataFrame coincide con el número de posibles combinaciones (10000). Por otro lado, si comprobamos cuántas filas hay únicas (mediante la función *unique*, vemos que también coincide con el total de filas):

```r
nrow(unique(df.combinaciones.sorteo))
```

```
## [1] 10000
```

Por último, si deseamos recuperar el total de combinaciones con los cuatro dígitos concatenados, mediante un *apply* aplicamos, a cada fila del DataFrame, la función *paste*, concatenando cada fila en una única cadena:

```r
vector.combinaciones <- apply(df.combinaciones.sorteo, 1, paste, collapse = "")
# Mostramos las primeras 50 combinaciones
head(vector.combinaciones, 50)
```

```
##  [1] "0000" "1000" "2000" "3000" "4000" "5000" "6000" "7000" "8000" "9000"
## [11] "0100" "1100" "2100" "3100" "4100" "5100" "6100" "7100" "8100" "9100"
## [21] "0200" "1200" "2200" "3200" "4200" "5200" "6200" "7200" "8200" "9200"
## [31] "0300" "1300" "2300" "3300" "4300" "5300" "6300" "7300" "8300" "9300"
## [41] "0400" "1400" "2400" "3400" "4400" "5400" "6400" "7400" "8400" "9400"
```

b) ¿Cuál es la suma de los números de un boleto que más se repite?

En primer lugar, para calcular la suma de los dígitos, y dado que se encuentran almacenados en un DataFrame, utilizaremos nuevamente la función *apply*, aplicando a nivel de fila la suma de todas sus columnas:

```r
suma.combinaciones <- apply(df.combinaciones.sorteo, 1, sum)

# Ejemplo de salida
suma.combinaciones[1:20]
```

```
##  [1]  0  1  2  3  4  5  6  7  8  9  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10
```

Por desgracia, R no dispone de una función que permita calcular la moda, por lo que habrá que diseñarla desde cero, pasando como parámetro el vector anterior con las sumas de cada combinación. Desde esta función creamos, en primer lugar, un vector auxiliar que contenga valores únicos del vector pasado por parámetro. A continuación, obtenemos el número de repeticiones por cada suma, mediante la función *tabulate*. No obstante, y dado que *tabulate* no cuenta el número de veces que se repite el cero, debemos sumar 1 a cada elemento, de forma que el cero si pueda ser contado. De dicho vector obtenemos el índice de la suma con mayor número de repeticiones (*which.max*), para finalmente recuperar su correspondiente valor:

```r
moda <- function(vector.suma) {
  vector.suma.unico <- unique(vector.suma)
```

```
  vector.suma.unico[which.max(tabulate(vector.suma + 1))]
}
```

Una vez definida la función, realizamos la correspondiente prueba:

```
# Prueba funcion moda
paste("La suma de los numeros que mas se repite es ", moda(suma.combinaciones))
```

```
## [1] "La suma de los numeros que mas se repite es  18"
```

Esto último es posible comprobarlo mediante una pequeña tabla dinámica en Excel, contando el número de apariciones en *suma.combinaciones* :

Etiquetas de fila	Cuenta de SUMA
18	670
17	660
19	660
16	633
20	633
15	592
21	592
14	540

Figure 1: Salida tabla dinámica Excel

Pregunta 2: En la carpeta covid_19 hay una serie de archivos sobre el COVID-19 en España. Se pide:

a) Leer los archivos "datos_provincias.csv", "CodProv.txt" y "CodCCAA.dat". Añade el código de la comunidad autónoma al fichero "datos_provincias.csv" (no manualmente).

En primer lugar, para leer cada archivo utilizamos la función *read.table* cuyos parámetros serán la ruta del fichero, el separador de cada columna (dado que los archivos emplean diferentes separadores como la coma o un tabulador), así como la cabecera (el cual debe estar a TRUE en todos los casos, ya que todos los archivos presentes contienen cabecera). Cabe remarcar el parámetro *na.strings* en *datos_provincias.csv*, ya que la provincia Navarra está denotada como NA, por lo que R lo interpreta como una NA (vacío). Para evitarlo, indicamos que los caracteres a NA corresponden con cadenas vacías en lugar de NA, literalmente:

```
# Comunidades Autonomas
cod.ccaa <- read.table("CodCCAA.csv", sep = "\t", header = TRUE)
head(cod.ccaa)
```

```
##   Código Nombre.de.la.subdivisión.en.la.ISO1. X
## 1  ES-AN                            Andalucía 0
## 2  ES-AR                              Aragón 1
## 3  ES-AS              Asturias, Principado de 2
## 4  ES-CN                             Canarias 3
## 5  ES-CB                             Cantabria 4
## 6  ES-CM                   Castilla-La Mancha 5
```

```
#Dimensiones (Filas x Columnas)
dim(cod.ccaa)
```

```
## [1] 17  3
```

```r
# Provincias
cod.prov <- read.table("CodProv.txt", sep = ",", header = TRUE)
head(cod.prov)
```

```
##   Código Nombre.de.la.subdivisión.en.la.ISO1 Comunidad.autónoma
## 1   ES-C                           A Coruña                 GA
## 2  ES-VI                              Araba                 PV
## 3  ES-AB                            Albacete                 CM
## 4   ES-A                  Alicante/Alacant                  VC
## 5  ES-AL                            Almería                 AN
## 6   ES-O                            Asturias                 AS
```

```r
#Dimensiones (Filas x Columnas)
dim(cod.prov)
```

```
## [1] 50  3
```

```r
# Datos provincias
# na.string = "" => Para no confundir NA (Navarra) con un valor NA
datos.provincias <- read.table("datos_provincias.csv", sep = ",", header = TRUE,
                               na.strings = "")
head(datos.provincias)
```

```
##   provincia_iso      fecha num_casos num_casos_prueba_pcr
## 1             A 2020-01-31         0                    0
## 2            AB 2020-01-31         0                    0
## 3            AL 2020-01-31         0                    0
## 4            AV 2020-01-31         0                    0
## 5             B 2020-01-31         1                    1
## 6            BA 2020-01-31         0                    0
##   num_casos_prueba_test_ac num_casos_prueba_otras
## 1                        0                      0
## 2                        0                      0
## 3                        0                      0
## 4                        0                      0
## 5                        0                      0
## 6                        0                      0
##   num_casos_prueba_desconocida
## 1                            0
## 2                            0
## 3                            0
## 4                            0
## 5                            0
## 6                            0
```

```r
#Dimensiones (Filas x Columnas)
dim(datos.provincias)
```

```
## [1] 12324     7
```

Una vez leídos los ficheros, debemos añadir el código de comunidad autónoma, situado en *CodCCAA.csv*, al fichero *datos_provincias.csv*, sin tener que hacerlo manualmente. De forma previa, dado que los ficheros *CodCCAA.csv* y *CodProv.txt* contienen columnas con tildes, las renombramos:

```r
colnames(cod.ccaa) <- c("Cod.Comunidad", "Nombre.Comunidad", "Num")
colnames(cod.prov) <- c("Codigo", "Nombre.de.la.subdivision.en.la.ISO1",
                        "Comunidad.Autonoma")
```

Una vez renombradas dichas columnas, debemos preguntarnos ¿Cómo enlazamos ambos DataFrames? Debemos fijarnos en que el DataFrame *datos.provincias* tiene como columna el código de cada provincia, mientras que el DataFrame *cod.ccaa* no presenta ningún campo relacionado con la provincia, sino con las comunidades autónomas. Sin embargo, disponemos de un DataFrame intermedio (como si de una tabla intermedia se tratase en SQL): *cod.prov*, el cual relaciona la comunidad autónoma con la provincia.

Por tanto, el objetivo será unir (inicialmente) *cod.ccaa* con *cod.prov* para finalmente unirlo con *datos.provincias*, no solo de cara al apartado a) sino además para el apartado b), donde pide los datos en función del código de CCAA, por lo que una vez mezcladas las tres tablas, pueden servirnos perfectamente para el resto de apartados. Sin embargo, si nos fijamos en el contenido de los DataFrames, tanto el campo Comunidad Autónoma como el código de Provincia presentan diferentes formatos en cada tabla (por ejemplo, el campo Cod.Autonoma en *cod.ccaa* empieza por las siglas ES- mientras que el campo correspondiente en *cod.prov* no, y lo mismo ocurre con el código de Provincia). Por tanto, antes de definir cualquier función debemos renombrar dichos campos, añadiendo las siglas ES-:

```
cod.prov <- transform(cod.prov, Comunidad.Autonoma =
                        paste("ES-", Comunidad.Autonoma, sep = ""))
datos.provincias <- transform(datos.provincias, provincia_iso =
                        paste("ES-", provincia_iso, sep = ""))
```

A continuación, definiremos una función (**juntar_tres_dataframes**), que presentan como parámetro el vector con los DataFrames a unir, así como la lista de claves con las que unir dichas tablas:

```
juntar_tres_dataframes <- function(vector.df, vector.claves) {
  merge(merge(vector.df[1], vector.df[2], by.x = vector.claves[1],
              by.y = vector.claves[2], all.x = TRUE), vector.df[3],
              by.x = vector.claves[3], by.y = vector.claves[4], all.x = TRUE)
}
```

Mediante esta función, aplicaremos dos *merge* sobre el conjunto de DataFrames: uno entre los dos primeros DataFrames del vector pasados como parámetro (utilizando como claves las proporcionadas en *vector.claves*), así como un segundo y último *merge* entre el DataFrame anterior y el tercero situado en *vector.df*. Cabe destacar que el DataFrame *datos.provincias* contiene información de las Ciudades Autónomas de Ceuta y Melilla, las cuales **no están almacendas en el resto de tablas**, por lo que al realizar ambos *merge* debemos conservar todas filas de la tabla izquierda (mediante el parámetro $all.x = TRUE$) de forma que podamos mantener los datos sobre la evolución del COVID-19 en ambas ciudades.

Por tanto, una vez definida la función realizamos la llamada con los parámetros pertinentes, juntando en primer lugar *datos.provincias* con *cod.prov* y finalmente *cod.ccaa* :

```
datos.ccaa <- juntar_tres_dataframes(vector.df = list(datos.provincias, cod.prov, cod.ccaa),
                                     vector.claves = c("provincia_iso", "Codigo",
                                     "Comunidad.Autonoma", "Cod.Comunidad")
                                     )

# Comprobemos que el numero de filas equivale al de datos.provincias
nrow(datos.ccaa) == nrow(datos.provincias)
```

```
## [1] TRUE
```

```
# Consultemos las primeras filas
head(datos.ccaa)
```

```
##   Comunidad.Autonoma provincia_iso      fecha num_casos
## 1              ES-AN          ES-J 2020-05-03         1
## 2              ES-AN          ES-J 2020-09-15        75
## 3              ES-AN          ES-J 2020-05-28         3
## 4              ES-AN          ES-J 2020-04-07        32
```

```
## 5              ES-AN          ES-J 2020-03-17        51
## 6              ES-AN          ES-J 2020-05-24         0
##   num_casos_prueba_pcr num_casos_prueba_test_ac num_casos_prueba_otras
## 1                    0                       1                      0
## 2                   75                       0                      0
## 3                    3                       0                      0
## 4                   17                      15                      0
## 5                   49                       2                      0
## 6                    0                       0                      0
##   num_casos_prueba_desconocida Nombre.de.la.subdivision.en.la.ISO1
## 1                            0                                Jaén
## 2                            0                                Jaén
## 3                            0                                Jaén
## 4                            0                                Jaén
## 5                            0                                Jaén
## 6                            0                                Jaén
##   Nombre.Comunidad Num
## 1        Andalucía   0
## 2        Andalucía   0
## 3        Andalucía   0
## 4        Andalucía   0
## 5        Andalucía   0
## 6        Andalucía   0
```

Para comprobar que cada Provincia está en su correspondiente Comunidad Autónoma, mediante un *lapply* recuperaremos cada Comunidad Autónoma, mostrando qué provincias tiene asociadas en el DataFrame. Debemos recordar que tanto Ceuta como Melilla presentan el campo Comunidad.Autonoma a NA, por lo que habrá que comprobarlo (*is.na*):

```
lapply(unique(datos.ccaa[, "Comunidad.Autonoma"]), function(x) {
  if (is.na(x)) {
    vector.provincias <- c(paste0(x, " => "),
                           unique(datos.ccaa[is.na(datos.ccaa["Comunidad.Autonoma"]),
                                             "provincia_iso"]))
  }else {
    vector.provincias <- c(paste0(x, " => "),
                           unique(datos.ccaa[datos.ccaa["Comunidad.Autonoma"] == x &
                            !is.na(datos.ccaa["Comunidad.Autonoma"]), "provincia_iso"]))
  }
  vector.provincias
})
```

```
## [[1]]
## [1] "ES-AN => " "ES-J"      "ES-AL"     "ES-CO"     "ES-GR"     "ES-CA"
## [7] "ES-H"      "ES-SE"     "ES-MA"
##
## [[2]]
## [1] "ES-AR => " "ES-TE"     "ES-HU"     "ES-Z"
##
## [[3]]
## [1] "ES-AS => " "ES-O"
##
## [[4]]
## [1] "ES-CB => " "ES-S"
##
```

```
## [[5]]
##  [1] "ES-CL => " "ES-SO"     "ES-AV"     "ES-SG"     "ES-BU"
##  [6] "ES-P"      "ES-ZA"     "ES-LE"     "ES-VA"     "ES-SA"
##
## [[6]]
## [1] "ES-CM => " "ES-CR"     "ES-TO"     "ES-AB"     "ES-CU"     "ES-GU"
##
## [[7]]
## [1] "ES-CN => " "ES-GC"     "ES-TF"
##
## [[8]]
## [1] "ES-CT => " "ES-GI"     "ES-B"      "ES-L"      "ES-T"
##
## [[9]]
## [1] "ES-EX => " "ES-BA"     "ES-CC"
##
## [[10]]
## [1] "ES-GA => " "ES-PO"     "ES-C"      "ES-OR"     "ES-LU"
##
## [[11]]
## [1] "ES-IB => " "ES-PM"
##
## [[12]]
## [1] "ES-MC => " "ES-MU"
##
## [[13]]
## [1] "ES-MD => " "ES-M"
##
## [[14]]
## [1] "ES-NC => " "ES-NA"
##
## [[15]]
## [1] "ES-PV => " "ES-VI"     "ES-SS"     "ES-BI"
##
## [[16]]
## [1] "ES-RI => " "ES-LO"
##
## [[17]]
## [1] "ES-VC => " "ES-V"      "ES-A"      "ES-CS"
##
## [[18]]
## [1] "NA => " "ES-ME"  "ES-CE"
```

Por tanto, vemos que cada provincia está asociada a su correspondiente comunidad, salvo Ceuta y Melilla (NA). Una vez tengamos el DataFrame generado, lo volcamos al fichero *datos.provincias.csv*, mediante la función *write.csv*, en lugar de *write.table* ya que existe una función específica que nos permite escribir directamente sobre archivos con extensión .csv

```
write.csv(datos.ccaa[c("Comunidad.Autonoma", colnames(datos.provincias))],
          "datos_provincias.csv", row.names = FALSE)
```

b) Selecciona los datos de la comunidad autónoma que te corresponda.

Para este apartado, ya disponemos del DataFrame con las tablas cruzadas, incluyendo el código de comunidad y el número de casos. Sin embargo, antes de continuar eliminaremos dos columnas redundantes:

Nombre.de.la.subdivision.en.la.ISO1 y **Nombre.Comunidad** (columnas 9 y 10, respectivamente) , ya que disponemos de las columnas **Comunidad.Autonoma** y **provincia_iso**, evitando con ello información redundante:

```
datos.ccaa <- datos.ccaa[, -c(9, 10)]
```

Una vez eliminadas dichas columnas, mediante la función **seleccionar_datos_comunidad** filtraremos los datos en función del código de comunidad, sumando los dígitos del DNI mod 17 (a través de la función *subset*), obteniendo el código con el mismo valor resultante:

```
seleccionar_datos_comunidad <- function(datos.ccaa, dni) {
  subset(datos.ccaa, Num == (dni %% 17))
}

# Prueba con Castilla y Leon (DNI = 12345678 mod 17 -> 6)
head(seleccionar_datos_comunidad(datos.ccaa, 12345678))
```

```
##      Comunidad.Autonoma provincia_iso      fecha num_casos
## 3082              ES-CL         ES-SO 2020-05-24         0
## 3083              ES-CL         ES-SO 2020-03-11        20
## 3084              ES-CL         ES-SO 2020-05-15         3
## 3085              ES-CL         ES-AV 2020-04-27         2
## 3086              ES-CL         ES-SO 2020-02-23         0
## 3087              ES-CL         ES-AV 2020-04-13        32
##      num_casos_prueba_pcr num_casos_prueba_test_ac num_casos_prueba_otras
## 3082                    0                        0                      0
## 3083                   15                        4                      0
## 3084                    3                        0                      0
## 3085                    1                        1                      0
## 3086                    0                        0                      0
## 3087                   23                        9                      0
##      num_casos_prueba_desconocida Num
## 3082                            0   6
## 3083                            1   6
## 3084                            0   6
## 3085                            0   6
## 3086                            0   6
## 3087                            0   6
```

```
# Prueba con Castilla la Mancha (DNI = 54003004 mod 17 -> 5)
datos.filtrado <- seleccionar_datos_comunidad(datos.ccaa, 54003004)
```

c) Realizar un gráfico que muestre adecuadamente la evolución de los casos nuevos. Justifica el gráfico elegido.

NOTA: para la realización de este apartado se utilizará el DNI 54003004, dado que mi DNI (54003003) coincide con la comunidad autónoma de Cantabria, por lo que el número de casos y pruebas es menor en comparación con otras provincias. Por ello, para reflejar mejor los gráficos resultantes he sumado un 1 al DNI (54003004 - Castilla la Mancha).

Para este apartado (y de forma previa a su implementación gráfica), la mejor forma de representación sería **agrupando el número de casos por fecha**, de forma que podamos tener el total de casos diarios. Para ello, y de cara tanto al apartado c) como d), diseñaremos una función denominada **agrupar.datos** que recibe como parámetros el DataFrame a agrupar (datos.ccaa), el campo sobre el que agrupar (clave), así como un vector de columnas a filtrar.

Para ello, mediante la función *by* agrupamos cada fila por el campo **clave** (pasado como parámetro),

obteniendo sus valores únicos. En el resto de columnas indicadas por parámetro, mediante la función *lapply* realizaremos el sumatorio por cada una de ellas, concatenando los resultados a través de la función *cbind*, la cual es invocada gracias a la función *do.call*. Una vez obtenida la fila, eliminamos su nombre de fila (*rownames*) ya que por defecto es la primera columna; además de agrupar cada una de ellas en un mismo DataFrame, aplicando la función *rbind*, además de añadir finalmente los nombres de columnas:

```
agrupar_datos <- function(datos.ccaa, clave, columnas) {
  agrupacion <- by(datos.ccaa, list(datos.ccaa[, clave]), function(fila) {
      data.frame(
          total = unique(fila[, clave]),
          do.call(cbind,
              lapply(columnas, function(columna) sum(fila[, columna]))
      )
    )
  })
  # Eliminamos los indices de fila (por defecto es la primera columna)
  rownames(agrupacion) <- NULL
  df.agrupado <- do.call(rbind, agrupacion)
  colnames(df.agrupado) <- c(clave, columnas)
  df.agrupado
}
```

Una vez definida la función, **agrupamos el número de casos (num_casos) por cada fecha** :

```
# Prueba agrupar_datos
datos.agrupados.fecha <- agrupar_datos(datos.filtrado, "fecha", "num_casos")
# Echamos un primer vistazo a los datos obtenidos
head(datos.agrupados.fecha)
```

```
##        fecha num_casos
## 1 2020-01-31         0
## 2 2020-02-01         0
## 3 2020-02-02         0
## 4 2020-02-03         0
## 5 2020-02-04         0
## 6 2020-02-05         0
```

Una vez tengamos los datos agrupados, de cara a facilitar la representación gráfica, cambiaremos el tipo de dato al formato fecha (*factor* a *Date*):

```
datos.agrupados.fecha[, "fecha"] <- as.Date(datos.agrupados.fecha[, "fecha"])
sapply(datos.agrupados.fecha, class)
```

```
##     fecha num_casos
##    "Date" "integer"
```

Una vez preprocesado el DataFrame, es momento de realizar su representación gráfica. Lo primero que debemos pensar es qué tipo de gráfico elegir (gráfico de barras, gráfico de líneas...). Una primera opción sería aplicar un gráfico de barras vertical, donde cada barra muestre el número de casos por cada fecha. Esta opción, a simple vista, resultaría ser viable de no ser por un factor: **el elevado número de filas**.

```
nrow(datos.agrupados.fecha)
```

```
## [1] 237
```

Es decir, supondría tener que representar en un mismo eje 237 barras en las que se muestra la distribución del número de casos a lo largo del tiempo, lo que podría dificultar el entendimiento del gráfico. Por el contrario, utilizar un gráfico de líneas puede resultar una mayor ventaja, dado que permite mostrar los cambios que sufre una variable **a lo largo del tiempo**, dado que lo que se desea representar es, al fin y al cabo, una serie

temporal en el que se muestra una sucesión del número de casos por COVID-19, donde lo que se analiza es su tendencia (ascendente o descendente) e incluso la búsqueda posibles patrones, pero no la de proporcionar "lecturas cuantitativas" de gran precisión. Por el contrario, un gráfico de barras se emplea comunmente para comparar datos con un número limitado de categorías o grupos, sobretodo cuando la muestra no es muy grande.

Por ello, tanto para el apartado c) como d) crearemos una función, denominada **imprimir_grafica**, recibiendo como parámetros el conjunto de datos a mostrar, las columnas empleadas para los eje X e Y, el número de divisiones a realizar en el eje X, así como el color del gráfico:

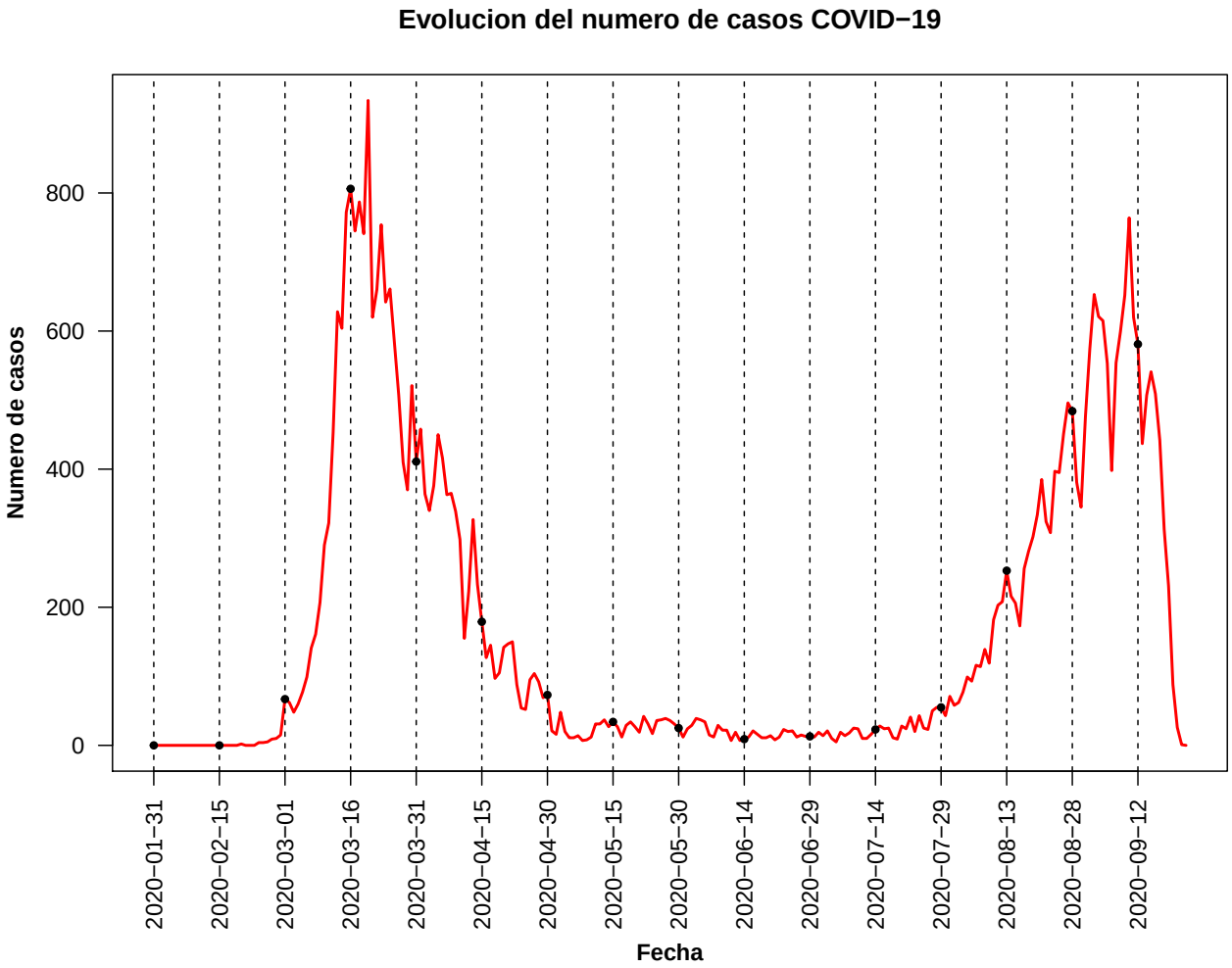
```
imprimir_grafica <- function(datos, eje.x, eje.y, divisiones, color) {
  par(mar=c(11,4,4,1), xaxt = "n")
  grafico.lineas <- plot(x = datos[, eje.x], y = datos[, eje.y], type = "l",
                         main = "Evolucion del numero de casos COVID-19",
                         xlab = "", ylab = "Numero de casos", font.lab = 2,
                         col = color, las = 2, lwd = 2)
  par(xaxt = "s")
  sec <- seq(datos[1, eje.x], datos[nrow(datos[eje.x]), eje.x],
             by = divisiones)

  axis.Date(1, at = sec, format = "%Y-%m-%d", las = 2)
  abline(v = sec, lty=2)
  points(x = subset(datos, datos[, eje.x] %in% sec), pch = 20)

  mtext(text = "Fecha", side = 1, line = 6, font = 2)
}
```

De la función anterior, quisiera destacar algunos detalles relevantes:

1. Para poder apreciar en mayor medida el gráfico resultante, mediante la función *par* estableceremos unos mayores márgenes de representación, además de eliminar temporalmente el eje X. Esto último lo hacemos para que el usuario, por parámetro, pueda elegir el número de divisiones (el número de fechas a mostrar en el eje X) de forma dinámica.
2. Por otro lado, el parámetro *las* se emplea para modificar la orientación de las etiquetas de los ejes (en horizontal), mientras que el campo *lwd* modifica el grosor del gráfico.
3. Tras borrar el eje X con la función *par*, mediante la función *axis.Date* establecemos el eje de abcisas (concretamente en formato *Date*), obteniendo una secuencia de fechas con tantas divisiones como el usuario haya especificado.
4. Una vez creado el eje de abcisas, mediante la función *abline* establecemos las rectas discontinuas para cada fecha en el eje X, empleando para ello la misma secuencia de fechas que con la función *axis.Date*. De este modo, el usuario podrá visualizar con mayor facilidad el número de casos en cada fecha.
5. Mediante la función *points* marcamos los números de casos anteriores.
6. Por último, mediante la función *mtext* establecemos el título del eje X.

Una vez definida la función, realizamos la prueba:

```r
# Prueba imprimir_grafica
imprimir_grafica(datos.agrupados.fecha, "fecha", "num_casos", 15, "red")
```



Analizando la evolución del número de casos, podemos observar el elevado pico de contagios producido durante los primeros meses de pandemia, en especial cuando las medidas en Europa (y en concreto España), no eran lo suficientemente estrictas. Tras la declaración del estado de alarma el día 14 de marzo, los efectos del confinamiento se tradujeron en un descenso lento y gradual en el número de casos diarios, llegando a mínimos a mediados de junio. No obstante, con la apertura gradual de fronteras y negocios la curva de contagios comenzó a crecer desde comienzos de verano, aunque de forma menos "apuntalada" que durante la "primera ola", alcanzando en el mes de septiembre valores similares a los meses de abril y marzo.

Cabe destacar, especialmente, la caída en el número de contagios a partir del día 22 de septiembre (con solo 13 casos nuevos), lo que puede deberse a una falta de datos por parte de las comunidades autónomas, por lo que el *dataset* está incompleto para dicho día.

d) Presenta en un único gráfico la evolución de las distintas variables (columnas) por medio de un gráfico de líneas múltiples. Utiliza diferentes colores y añade una leyenda que muestre el origen de cada línea.

Para este apartado, dado que disponemos de una función diseñada en el apartado anterior que permite agrupar las columnas de un DataFrame, llamaremos de nuevo a dicha función agrupando cada columna (casos nuevos, casos por pruebas PCR, casos por pruebas anticuerpos, otras pruebas y pruebas desconocidas) en función de la fecha. De este modo podremos conocer la evolución de cada variable a lo largo del tiempo:

```r
casos.por.columnas <- agrupar_datos(datos.filtrado, "fecha", c("num_casos",
                                    "num_casos_prueba_pcr",
                                    "num_casos_prueba_test_ac", "num_casos_prueba_otras",
                                    "num_casos_prueba_desconocida"))
# Modificamos nuevamente el campo fecha (factor -> Date)
casos.por.columnas[, "fecha"] <- as.Date(casos.por.columnas[, "fecha"])

# Mostramos las primeras filas
head(casos.por.columnas)
```

```
##        fecha num_casos num_casos_prueba_pcr num_casos_prueba_test_ac
## 1 2020-01-31         0                    0                         0
## 2 2020-02-01         0                    0                         0
## 3 2020-02-02         0                    0                         0
## 4 2020-02-03         0                    0                         0
## 5 2020-02-04         0                    0                         0
## 6 2020-02-05         0                    0                         0
##   num_casos_prueba_otras num_casos_prueba_desconocida
## 1                      0                            0
## 2                      0                            0
## 3                      0                            0
## 4                      0                            0
## 5                      0                            0
## 6                      0                            0
```

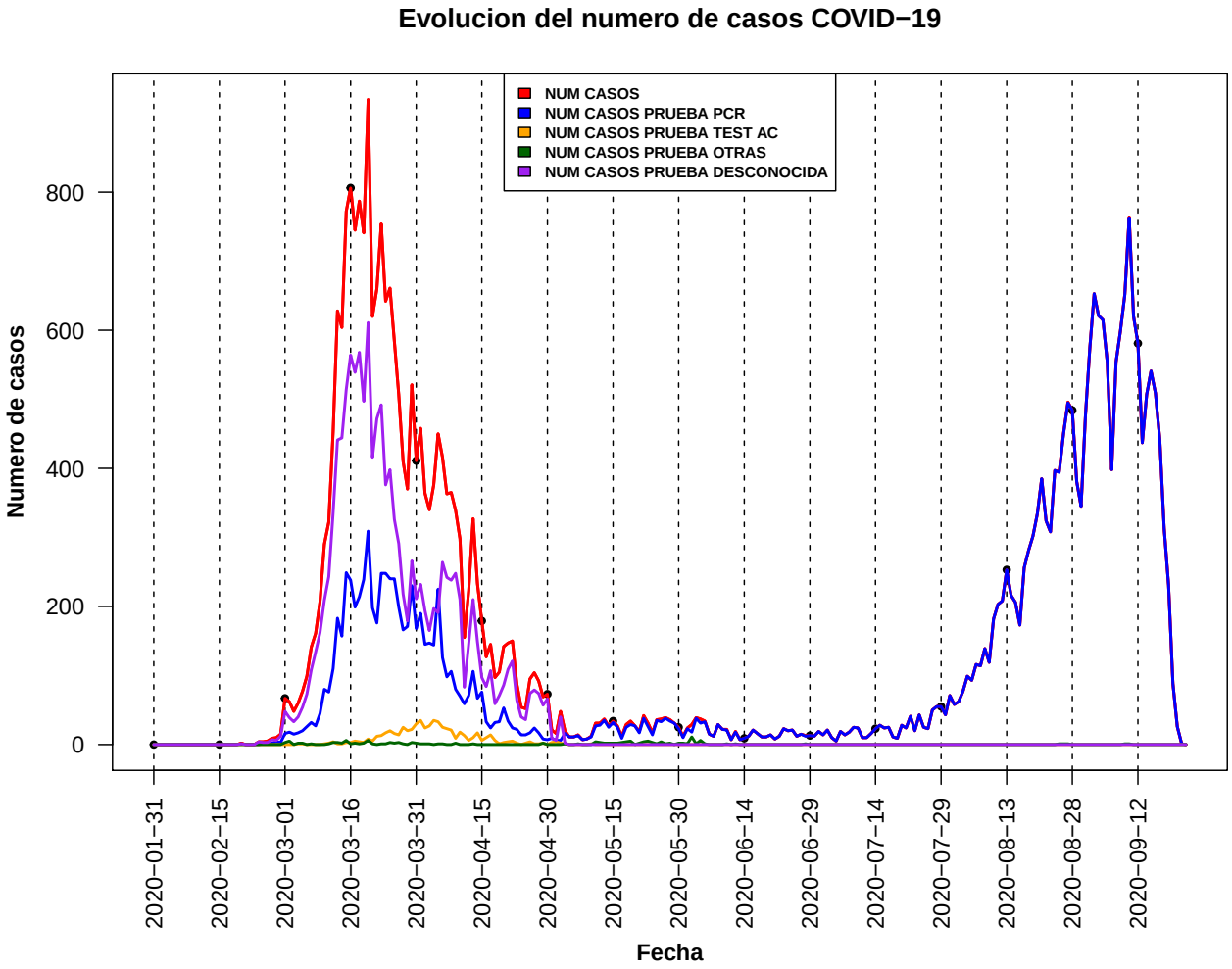
Una vez agrupado el DataFrame, debemos representar gráficamente cada columna con un color diferente. Para ello, creamos una función denominada **imprimir_multiples_lineas**, que recibe como parámetros tanto el DataFrame a representar gráficamente, los valores del eje X (campo fecha), del eje Y (columnas con el número de casos); además de un vector con la paleta de colores para cada línea.

En primer lugar, la función recupera la primera de las columnas pasadas como parámetro (num_casos) y establece el mismo gráfico que el del apartado anterior, llamando a la función **imprimir_grafica**. A continuación, y mediante la función *mapply*, por cada pareja (columna, color) añade una nueva línea al gráfico (*line*), asociando su correspondiente color. Finalmente, por medio de la función *legend* se muestra la leyenda en el gráfico, situándose en la parte superior:

```r
imprimir_multiples_lineas <- function(datos, eje.x, eje.y, paleta) {
  imprimir_grafica(datos, eje.x, eje.y[1], 15, paleta[1])

  mapply(FUN = function(x, y) {
    lines(datos[, eje.x], datos[, x], col = y, lwd = 2)
  }, eje.y, paleta)

  eje.y <- lapply(gsub('_', ' ', eje.y), toupper)
  legend(x= "top",  legend = eje.y, fill = paleta, cex = 0.7, text.font = 2, bg = 'white')
}
```

A continuación, realizamos la correspondiente prueba, mostrando la evolución de cada columna a lo largo del tiempo:

```r
# Prueba imprimir_multiples_lineas
columnas <- c("num_casos", "num_casos_prueba_pcr", "num_casos_prueba_test_ac",
              "num_casos_prueba_otras", "num_casos_prueba_desconocida")
paleta <- c("red", "blue", "orange", "darkgreen", "purple")

imprimir_multiples_lineas(casos.por.columnas, "fecha", columnas, paleta)
```



Analizando la gráfica resultante, podemos comprobar cómo el número de casos por COVID-19 han sido diagnosticados, en su mayoría, por pruebas PCR, dado que ambos gráficos evolucionan "a la par", un posible indicativo de que las pruebas por PCR son las de mayor uso. Por el contrario, otras pruebas como los Anti-cuerpos, comenzaron a diagnostar casos a comienzos de la pandemia, aunque con el transcurso del tiempo el número de pruebas se ha visto reducido. Curiosamente, las pruebas denotadas como "desconocidas" han aumentado desde finales de septiembre.

Pregunta 3. Consideramos un fichero de datos en formato SAS de nombre "punt.sas7bdat" que contiene datos sobre alumnos matriculados en diversos cursos.

a) Importa el fichero de datos y guárdalo en un objeto de nombre punt. Comprueba la estructura del objeto punt. Si es necesario conviértelo en un data frame.

Hasta ahora, hemos trabajado con ficheros de extensiones .txt o separados por comas (.csv). En este apartado, nos encontramos con una nueva extensión: **sas7bdat**. Una posible opción sería leer dicho fichero por medio de las funciones del paquete base como *scan* o incluso *read.table* :

```
read.table("Punt.sas7bdat")
```

```
## Warning in read.table("Punt.sas7bdat"): line 1 appears to contain embedded
## nulls
```

```
## Warning in read.table("Punt.sas7bdat"): line 2 appears to contain embedded
```

```
## nulls
```

```
## Warning in read.table("Punt.sas7bdat"): line 3 appears to contain embedded
## nulls
```

```
## Warning in read.table("Punt.sas7bdat"): line 4 appears to contain embedded
## nulls
```

```
## Warning in read.table("Punt.sas7bdat"): line 5 appears to contain embedded
## nulls
```

```
## Error in scan(file = file, what = what, sep = sep, quote = quote, dec = dec, : line 2 did not have 1
```

Sin embargo, dicha función no permite leer el contenido del archivo. Esto es debido a que el fichero *Punt.sas7bdat* **NO** contiene la información en texto plano, por lo que su contenido no es legible a simple vista:

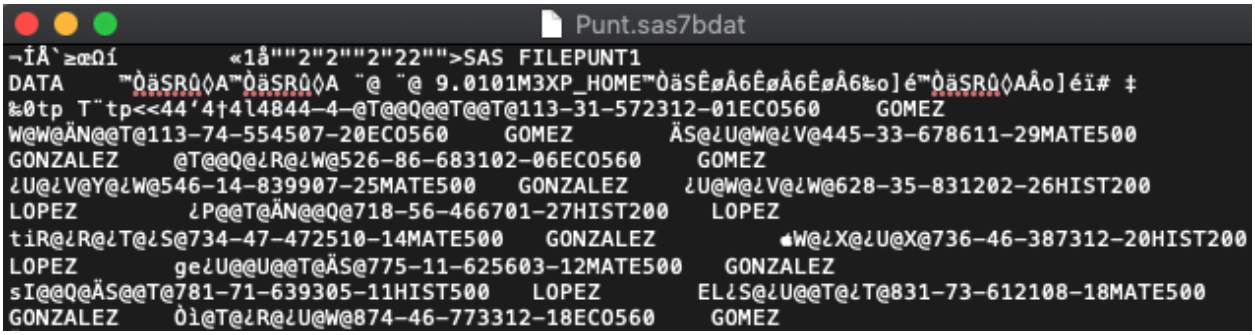


Figure 2: Contenido del fichero Punt.sas7bdat

Esto último supone que las funciones base de R no nos permiten leer su contenido. Por ello, **y como único caso excepcional a lo largo de la práctica**, recurriremos a una librería externa denominada *sas7bdat* (**Click para acceder al sitio web de CRAN**) . Para instalar el paquete, empleamos la función *install.packages*. Una vez instalado, debemos importarlo por medio de la función *library* :

```
install.packages("sas7bdat", repos = "http://cran.us.r-project.org")
```

```
# Una vez instalado, lo cargamos
library(sas7bdat)
# Vemos que aparece, junto con las librerias estandar de R
(.packages())
```

```
## [1] "sas7bdat"  "stats"     "graphics"  "grDevices" "utils"     "datasets"
## [7] "methods"   "base"
```

Una vez cargado el paquete, ya podemos utilizar la función *read.sas7bdat*, la cual permite leer un fichero SAS en formato binario de forma más cómoda que las librerías de R base, almacenando su contenido (por defecto en formato DataFrame) en una variable denominada *punt*:

```
punt <- read.sas7bdat("Punt.sas7bdat")

# Comprobamos que se trata, efectivamente, de un DataFrame
class(punt)
```

```
## [1] "data.frame"
```

```
# Una vez cargado, echamos un primer vistazo a las filas...
head(punt)
```

```
##        SEGSOC ENROLLED  COURSE  TEACHER TEST1 TEST2 TEST3 TEST4
```

```
## 1 113-31-5723    12-01  ECO560    GOMEZ    81    69    81    81
## 2 113-74-5545    07-20  ECO560    GOMEZ    92    92    61    81
## 3 445-33-6786    11-29 MATE500 GONZALEZ    78    87    92    91
## 4 526-86-6831    02-06  ECO560    GOMEZ    81    69    75    95
## 5 546-14-8399    07-25 MATE500 GONZALEZ    87    91   100    95
## 6 628-35-8312    02-26 HIST200    LOPEZ    87    92    91    95
```

```
# ... Y a las columnas ...
sapply(punt, class)
```

```
##    SEGSOC  ENROLLED    COURSE   TEACHER     TEST1     TEST2     TEST3
##  "factor"  "factor"  "factor"  "factor" "numeric" "numeric" "numeric"
##     TEST4
## "numeric"
```

Analizando las columnas, podemos comprobar cómo los campos de cadenas de caracteres (SEGSOC, ENROLLED, COURSE y TEACHER) se codifican como *factor*.

b) Obtener una nueva variable overall que de la puntuación media de los cuatro test para cada estudiante suponiendo que el último test se pondera el doble.

Para este apartado creamos nuevamente una función, denominada **calcular_total_puntuacion**, que recibe como parámetros el DataFrame con las puntuaciones, la columna con el identificador del alumno así como un vector con las puntuaciones de cada test. Sobre dicho DataFrame aplicamos la función *cbind*, concatenando las columnas pasadas como parámetro junto con una nueva columna (OVERALL) con la puntuación total. Para su cálculo, mediante la función *apply* suma las n - 1 primeras columnas y, con la n-ésima columna, multiplica su valor por dos, sumándolo con el resto:

```
calcular_total_puntuacion <- function(puntuaciones, id.alumno, columnas.test) {
  cbind(puntuaciones[c(id.alumno, columnas.test)],
            OVERALL = apply(puntuaciones[columnas.test], 1, function(x) {
              sum(x[1:length(x) - 1]) + 2*x[length(x)]
  }))
}
```

Una vez definida la función, realizamos la prueba, almacenando el resultado en una variable denominada *overall* :

```
overall <- calcular_total_puntuacion(punt, "SEGSOC", c("TEST1", "TEST2", "TEST3", "TEST4"))
overall
```

```
##         SEGSOC TEST1 TEST2 TEST3 TEST4 OVERALL
## 1  113-31-5723    81    69    81    81     393
## 2  113-74-5545    92    92    61    81     407
## 3  445-33-6786    78    87    92    91     439
## 4  526-86-6831    81    69    75    95     415
## 5  546-14-8399    87    91   100    95     468
## 6  628-35-8312    87    92    91    95     460
## 7  718-56-4667    67    81    61    69     347
## 8  734-47-4725    72    75    83    79     388
## 9  736-46-3873    92    99    87    96     470
## 10 775-11-6256    87    85    81    78     409
## 11 781-71-6393    50    69    78    81     359
## 12 831-73-6121    79    87    81    83     413
## 13 874-46-7733    81    75    87    92     427
## 14 778-83-8458    81    69    81    81     393
## 15 113-31-5974    81    69    81    81     393
```

```
## 16 017-75-4391    67    81    61    69     347
## 17 017-87-4637    67    81    61    69     347
## 18 124-29-7872    79    87    81    83     413
## 19 939-72-7137    79    87    81    83     413
```

c) Formar una nueva variable denominada start compuesta por el mes y día de ENROLLED y por el año corriente y presenta en pantalla las variables SEGSOC, COURSE y start.

De forma similar al apartado b), definimos una función denominada **anadir_columna_fecha**, que recibe como parámetros las puntuaciones en formato DataFrame, la columna compuesta por el día y mes (dia.mes), así como un vector con el resto de columnas a proyectar (en nuestro caso SEGSOC y COURSE). Sobre dicha función aplicamos nuevamente *cbind*, concatenando las columnas anteriores con una nueva, denominada START, formada por el año corriente (mediante la función *format(Sys.Date(), "%Y")*), así como el mes y día del parámetro dia.mes:

```
anadir_columna_fecha <- function(puntuaciones, dia.mes, columnas) {
  cbind(puntuaciones[columnas], START = apply(puntuaciones[dia.mes], 1, function(x) {
    paste0(format(Sys.Date(), "%Y"), "-", x)
  }))
}
```

Una vez definida la función, realizamos la prueba con las columnas ENROLLED, SEGSOC y COURSE, almacenando el resultado en una variable denominada *start* :

```
start <- anadir_columna_fecha(punt, "ENROLLED", c("SEGSOC", "COURSE"))
start
```

```
##         SEGSOC    COURSE      START
## 1  113-31-5723    ECO560 2020-12-01
## 2  113-74-5545    ECO560 2020-07-20
## 3  445-33-6786   MATE500 2020-11-29
## 4  526-86-6831    ECO560 2020-02-06
## 5  546-14-8399   MATE500 2020-07-25
## 6  628-35-8312   HIST200 2020-02-26
## 7  718-56-4667   HIST200 2020-01-27
## 8  734-47-4725   MATE500 2020-10-14
## 9  736-46-3873   HIST200 2020-12-20
## 10 775-11-6256   MATE500 2020-03-12
## 11 781-71-6393   HIST500 2020-05-11
## 12 831-73-6121   MATE500 2020-08-18
## 13 874-46-7733    ECO560 2020-12-18
## 14 778-83-8458    CIE500 2020-07-01
## 15 113-31-5974 FRANCE200 2020-02-01
## 16 017-75-4391 FRANCE200 2020-03-14
## 17 017-87-4637    ECO560 2020-06-14
## 18 124-29-7872    CIE500 2020-08-18
## 19 939-72-7137    CIE500 2020-09-29
```

d) Formar un nuevo data frame de nombre level500 que contenga los estudiantes cuyo curso acaba en 500. Crear dos nuevas variables carácter, una de nombre subject con el código de curso (parte literal) y otra de nombre level con el número del curso (parte numérica).

Para este apartado, la función diseñada (denominada **crear_nuevo_df**) contiene como parámetros el DataFrame con las puntuaciones de cada alumno, el número de curso a filrar, así como la columna donde aplicar el filtro (COURSE).

Inicialmente, debemos recuperar aquellas filas del DataFrame cuyo valor en la columna COURSE acabe en

"500". Para ello, mediante la función *grep* aplicamos una **expresión regular** a todas las filas del DataFrame, filtrando aquellas que acaben en 500 (para indicarlo mediante una expresión regular, bastaría con concatenar el valor pasado como parámetro junto con el símbolo "$"). Una vez filtradas las filas, mediante la función *transform* añadimos las dos nuevas columnas. Para ello, mediante la función *gsub* aplicamos la expresión regular "([A-Za-z]+)([0-9]+)" a la columna COURSE, lo que permite extraer por un lado (SUBJECT) el código de curso, expresión formada por las letras del alfabeto ([A-Za-z]+); así como la columna LEVEL, que contiene la parte numérica del curso ([0-9]+).

Por último, para convertir ambas variables en tipo carácter (en lugar de factor o numérico), a cada nueva columna aplicaremos la función *as.character* (mediante *lapply*), reestableciendo los números de fila:

```
crear_nuevo_df <- function(puntuaciones, codigo, columna) {
  punt.filtrado <- puntuaciones[grep(paste0(codigo,"$"), puntuaciones[, columna]), ]
  regex <- "([A-Za-z]+)([0-9]+)"
  punt.filtrado <- transform(punt.filtrado,
                             SUBJECT = gsub(regex, replacement = "\\1" ,
                                            x = punt.filtrado[, columna]),
                             LEVEL = gsub(regex, replacement = "\\2" ,
                                          x = punt.filtrado[, columna])
  )
  punt.filtrado[, c("SUBJECT", "LEVEL")] <- lapply(punt.filtrado[, c("SUBJECT", "LEVEL")],
                                                   as.character)
  rownames(punt.filtrado) <- NULL
  punt.filtrado
}
```

Una vez definida la función, creamos el nuevo DataFrame (*level500*), filtrando aquellos estudiantes cuyo curso acaba en 500, además de las dos nuevas variables (SUBJECT, LEVEL):

```
# Prueba crear_nuevo_df
level500 <- crear_nuevo_df(punt, "500", "COURSE")
level500
```

```
##        SEGSOC ENROLLED  COURSE  TEACHER TEST1 TEST2 TEST3 TEST4 SUBJECT
## 1 445-33-6786    11-29 MATE500 GONZALEZ    78    87    92    91    MATE
## 2 546-14-8399    07-25 MATE500 GONZALEZ    87    91   100    95    MATE
## 3 734-47-4725    10-14 MATE500 GONZALEZ    72    75    83    79    MATE
## 4 775-11-6256    03-12 MATE500 GONZALEZ    87    85    81    78    MATE
## 5 781-71-6393    05-11 HIST500    LOPEZ    50    69    78    81    HIST
## 6 831-73-6121    08-18 MATE500 GONZALEZ    79    87    81    83    MATE
## 7 778-83-8458    07-01  CIE500 MARTINEZ    81    69    81    81     CIE
## 8 124-29-7872    08-18  CIE500 MARTINEZ    79    87    81    83     CIE
## 9 939-72-7137    09-29  CIE500 MARTINEZ    79    87    81    83     CIE
##   LEVEL
## 1   500
## 2   500
## 3   500
## 4   500
## 5   500
## 6   500
## 7   500
## 8   500
## 9   500
```

```
# Comprobamos el tipo de dato de las nuevas columnas
sapply(level500, class)
```

```
##      SEGSOC    ENROLLED      COURSE     TEACHER       TEST1       TEST2
##    "factor"    "factor"    "factor"    "factor"   "numeric"   "numeric"
##       TEST3       TEST4     SUBJECT       LEVEL
##   "numeric"   "numeric" "character" "character"
```

Como podemos observar en la ejecución anterior, las columnas SUBJECT y LEVEL se codifican como *character*.

e) Escribe la información de level500 en un fichero ASCII de nombre "level500.dat".

Finalmente, para volcar el contenido del DataFrame en un fichero (en formato ASCII), bastará con emplear la función *write.table*, tal y como se muestra a continuación, omitiendo los números de fila (*row.names = FALSE*):

```
write.table(level500, file = "level500.dat", row.names = FALSE)
```

```
"SEGSOC" "ENROLLED" "COURSE" "TEACHER" "TEST1" "TEST2" "TEST3" "TEST4" "SUBJECT" "LEVEL"
"445-33-6786" "11-29" "MATE500" "GONZALEZ" 78 87 92 91 "MATE" "500"
"546-14-8399" "07-25" "MATE500" "GONZALEZ" 87 91 100 95 "MATE" "500"
"734-47-4725" "10-14" "MATE500" "GONZALEZ" 72 75 83 79 "MATE" "500"
"775-11-6256" "03-12" "MATE500" "GONZALEZ" 87 85 81 78 "MATE" "500"
"781-71-6393" "05-11" "HIST500" "LOPEZ" 50 69 78 81 "HIST" "500"
"831-73-6121" "08-18" "MATE500" "GONZALEZ" 79 87 81 83 "MATE" "500"
"778-83-8458" "07-01" "CIE500" "MARTINEZ" 81 69 81 81 "CIE" "500"
"124-29-7872" "08-18" "CIE500" "MARTINEZ" 79 87 81 83 "CIE" "500"
"939-72-7137" "09-29" "CIE500" "MARTINEZ" 79 87 81 83 "CIE" "500"
```

Figure 3: Contenido de level500.dat

Pregunta 4. La siguiente tabla representa puntuaciones de sensación de ardor para 16 sujetos en un estudio para probar un nuevo hidrogel. La primera columna da el número del sujeto. Las siguientes columnas dan la puntuación de sensación de ardor (en una escala de 1 a 4) para semanas 1 (S1) a 7 (S7). (La matriz de datos se encuentra en "matriz.R")

Inicialmente, cargamos la matriz en una variable, denominada *puntuaciones.hidrogel* :

```
puntuaciones.hidrogel <- structure(c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15,
                          16, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1,
                          1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 2, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1,
                          1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 3, 1, 1, 1, 1, 3,
                          2, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 2, 1, 4, 1, 1, 1, 1, 1, 2, 2, 1, 1, 1, 1,
                          2, 3, 3, 1, 2, 1, 1, 1, 1, 1, 3, 4, 1, 1, 1, 2, 3, 4, 3, 1, 2,
                          1, 1, 4, 1, 1, 4, 4, 1, 1), .Dim = c(16L, 8L))
puntuaciones.hidrogel
```

```
##       [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8]
##  [1,]    1    1    1    1    1    1    1    1
##  [2,]    2    1    1    1    1    1    1    2
##  [3,]    3    1    1    1    1    1    2    3
##  [4,]    4    1    1    1    1    1    3    4
##  [5,]    5    1    1    1    1    2    3    3
##  [6,]    6    1    1    1    1    1    1    1
##  [7,]    7    1    1    1    3    4    2    2
##  [8,]    8    1    1    1    1    1    1    1
##  [9,]    9    1    1    1    1    1    1    1
## [10,]   10    1    1    1    1    1    1    4
```

```
## [11,]   11    1    1    1    1    1    1    1
## [12,]   12    1    1    1    1    1    1    1
## [13,]   13    1    2    1    3    2    3    4
## [14,]   14    1    1    1    2    2    4    4
## [15,]   15    1    1    1    1    1    1    1
## [16,]   16    1    1    1    1    1    1    1
```

Cabe destacar que, a diferencia de los apartados anteriores, ya no disponemos de nombres de columnas, por lo que habrá que utilizar índices númericos.

a) Para la semana S_7, calcule el vector $(f_1, 1-f_1, f_2, 1-f_2, f_3, 1-f_3, f_4, 1-f_4)$, donde f_i es la frecuencia de la modalidad i (1,2,3,4) observada en la semana S_7 sobre los 16 sujetos. (Sugerencia: use las funciones tabulate(), cbind(), t() y as.vector())

En primer lugar, de cara al apartado b), creamos una función denominada **calcular_vector_frecuencias** que recibe como parámetro la columna directamente con sus puntuaciones, además del número total de puntuaciones (en nuestro caso 4). Inicialmente, mediante la función *tabulate* obtenemos el número de repeticiones de cada puntuación en la columna pasada como parámetro. A continuación, una vez obtenido el número de repeticiones calculamos la frecuencia de cada uno, dividiéndolo entre la longitud de la columna **puntuaciones**. Por último, mediante la función *rbind* (equivalente a t(cbind())) unimos los vectores de frecuencias (f, 1 - f), concatenando cada pareja.

Sin embargo, puede ocurrir que una puntuación no aparezca en la columna (por ejemplo, en las semanas 1 y 3 solo aparece la puntuación 1), por lo que por cada puntuación faltante añadimos las parejas (0,1), es decir, la frecuencia de aparición es 0 y por tanto, 1 - f = 1.

```
calcular_vector_frecuencias <- function(puntuaciones, categorias) {
  frecuencias <- tabulate(puntuaciones) / length(puntuaciones)
  categorias.faltantes <- categorias - length(frecuencias)
  c(as.vector(rbind(frecuencias, 1 - frecuencias)), rep(c(0,1), categorias.faltantes))
}
```

Una vez creada la función, calculamos el vector para la semana S_7. Dado que los números de fila (N_r) forman parte de la matriz como una columna más, a cada índice habrá que sumarle 1:

```
# Prueba con la semana 7 (columna 7 + 1)
calcular_vector_frecuencias(puntuaciones.hidrogel[ ,8], 4)
```

```
## [1] 0.500 0.500 0.125 0.875 0.125 0.875 0.250 0.750
```

Si nos fijamos en la matriz, la puntuación 1 se repite 8 veces (f = 8/16 = 0.5; 1 - f = 0.5). Por otro lado, la puntuación 2 se repite en dos ocasiones (f = 2/16 = 1/8 = 0.125, 1 - f = 0.875); la puntuación 3, por su parte, aparece 2 veces (f = 2/16 = 1/8 = 0.125, 1 - f = 0.875), y finalmente la puntuación 4 aparece en 4 ocasiones (f = 4/16 = 1/4 = 0.250, 1 - f = 0.750). Por tanto, podemos comprobar que las parejas de frecuencias (f, 1 - f) coinciden.

b) Ahora, use la función apply() para hacer el mismo cálculo para todas las demás semanas. Almacene el resultado en una matriz.

Por medio de la función *apply* aplicamos la función anterior a cada columna de la matriz, salvo la primera columna, que contiene los números de fila. Una vez aplicada la función, creamos un único vector a través de la función *unlist* con el que obtener, a continuación, una matriz de 8 filas (parejas de frecuencias (f, 1 - f) x número de posibles puntuaciones = 2 x 4). Para facilitar su lectura, a cada nombre de columna le asignaremos el día de la semana, mientras que a cada fila le asignaremos la frecuencia de cada puntuación:

```
matriz.frecuencias <- matrix(unlist(apply(
        puntuaciones.hidrogel[, -1], 2, calcular_vector_frecuencias, categorias = 4)),
        nrow = 8)
```

```r
rownames(matriz.frecuencias) <- c("1", "1-f1", "2", "1-f2", "3", "1-f3", "4", "1-f4")
colnames(matriz.frecuencias) <- c("S1", "S2", "S3",
                                  "S4", "S5", "S6", "S7")

# Comprobamos que se trata, efectivamente, de una matriz
class(matriz.frecuencias)
```

```
## [1] "matrix"
```

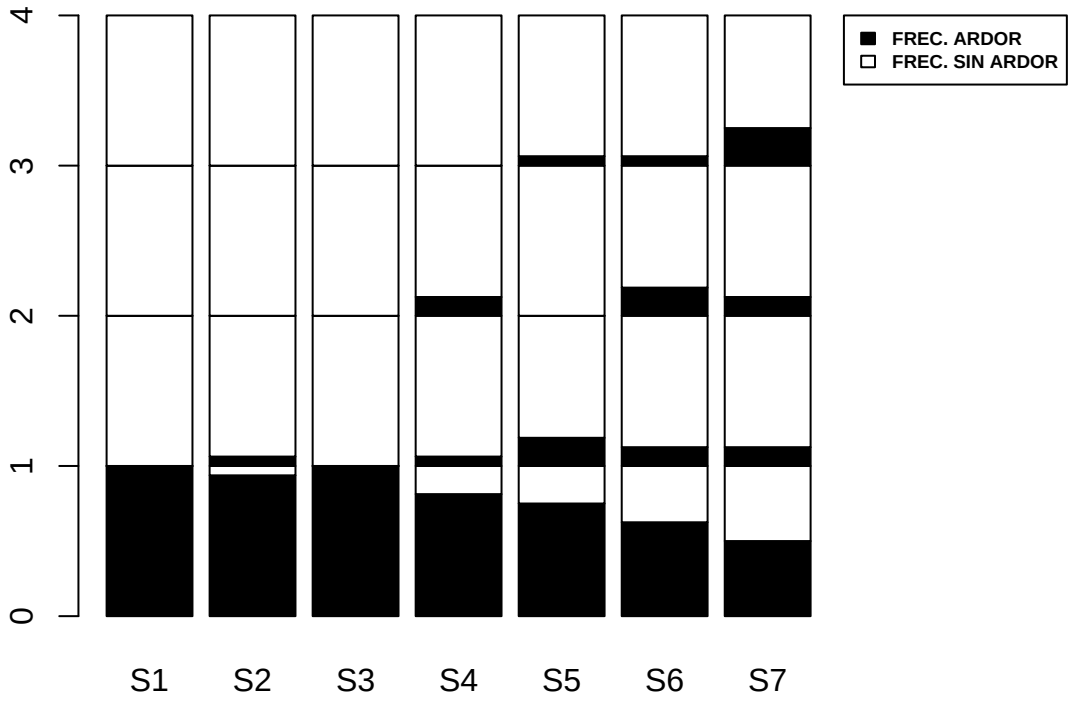
```r
# Mostramos su contenido
matriz.frecuencias
```

```
##      S1     S2 S3     S4     S5     S6    S7
## 1     1 0.9375  1 0.8125 0.7500 0.6250 0.500
## 1-f1  0 0.0625  0 0.1875 0.2500 0.3750 0.500
## 2     0 0.0625  0 0.0625 0.1875 0.1250 0.125
## 1-f2  1 0.9375  1 0.9375 0.8125 0.8750 0.875
## 3     0 0.0000  0 0.1250 0.0000 0.1875 0.125
## 1-f3  1 1.0000  1 0.8750 1.0000 0.8125 0.875
## 4     0 0.0000  0 0.0000 0.0625 0.0625 0.250
## 1-f4  1 1.0000  1 1.0000 0.9375 0.9375 0.750
```

c) Utilice la función barplot() y el argumento col = c("black", "white") en esta matriz. El gráfico que se obtiene ofrece una descripción general de la evolución de la Sensación de ardor con el tiempo.

Mediante la función *barplot*, mostramos el diagrama de barras además de incluir una leyenda en la parte derecha del gráfico (modificando el margen derecho para no solaparlo):

```r
par(xpd = TRUE, mar = par()$mar + c(0,0,0,4))
barplot(matriz.frecuencias, col = c("black", "white"),
        main = "EVOLUCION SENSACION DE ARDOR CON EL TIEMPO")
legend(x= "topright",  legend = c("FREC. ARDOR", "FREC. SIN ARDOR"),
       inset = c(-0.3, 0), fill = c("black", "white"),
       cex = 0.6, text.font = 2, bg = 'white')
```



A través del gráfico anterior, podemos comprobar como, con el transcurso de las semanas, la sensación de ardor al emplear el hidrogel aumenta, concretamente a partir de la cuarta semana, donde aproximadamente un 19 y 13 % de los usuarios aumentaron su puntuación a 2 y 3, respectivamente.

d) Cambie el gráfico anterior para que las barras que representan las frecuencias estén en rojo. Los números de las semanas deben estar en azul y en la parte superior del gráfico en lugar del fondo. Los números de modalidad deben estar a la izquierda, en azul. Agrega un título al gráfico.

Para resolver este apartado, creamos una función denominada **mostrar_frecuencias**, que recibe como parámetros, además de la matriz, el ancho de la barra como el espacio entre cada una:

```
mostrar_frecuencias <- function(matriz, ancho, espacio) {
  par(xpd = TRUE, mar = c(0,4,5,6))
  barplot(matriz.frecuencias, col = c("red", "white"), width = ancho,
          space = espacio, xaxt = "n", yaxt = "n",
          ylab = "PUNTUACION", cex.lab = 1.25)

  pos_inicial <- espacio + ancho/2
  longitud <- length(colnames(matriz)) - 1
  v <- Reduce(function(v, x) v + 2 * ancho/2 + espacio, x=numeric(longitud),
              init=pos_inicial, accumulate=TRUE)
  axis(side = 3, at = v, colnames(matriz), col.axis = "blue", font = 2)
  mtext("SEMANAS", side = 3, line = 2.2, cex = 1.25)

  pos_inicial_2 <- ancho / 2
  longitud_2 <- length(row.names(matriz)) / 2 - 1
  w <- Reduce(function(w, x) w + 2 * ancho/2, x=numeric(longitud_2),
              init=pos_inicial_2, accumulate=TRUE)
  axis(side = 2, at = w, row.names(matriz)[seq(1,length(row.names(matriz)),2)],
```

```
      col.axis = "blue", cex = 125, font = 2)

  title("FRECUENCIAS DE ARDOR DE HIDROGEL - SEMANAS 1 A LA 7", line = 4, cex.main = 1.25)
  legend(x= "topright",  legend = c("FREC. ARDOR", "FREC. SIN ARDOR"),
      inset = c(-0.2, 0), fill = c("red", "white"),
      cex = 0.6, text.font = 2, bg = 'white')
}
```

1. **Las barras que representen las frecuencias deben estar en rojo**. Para que las barras que indican las frecuencias estén en color rojo, al realizar la función *barplot* modificamos el vector de colores, cambiándose a *("red", "white")* :

```
par(xpd = TRUE, mar = c(0,4,5,6))
barplot(matriz.frecuencias, col = c("red", "white"), width = ancho,
          space = espacio, xaxt = "n", yaxt = "n",
          ylab = "MODALIDAD", cex.lab = 1.25)
```

2. **Los números de las semanas deben estar en azul y en la parte superior del gráfico en lugar del fondo**. Si nos fijamos en la función *barplot* anterior, vemos que tanto el parámetro *xaxt* como *yaxt* están a "n", lo que significa que por el momento no se muestran los ejes. Esto es debido a que mediante la función *axis* que ofrece el paquete *graphics* es posible crear ejes de una forma mucho más personalizada. Por ello, para crear el eje X utilizamos dicha función, situándolo en la parte superior (**side = 3**). Por otra parte, para denotar la posición en el eje X donde debe situarse cada semana, mediante una función *Reduce* calculamos la distancia de separación entre semana y semana, en base al ancho de las barras y a la distancia de separación entre ellas pasadas como parámetro. Finalmente, coloreamos de azul el eje mediante el parámetro *col.axis*, además de añadirle un título por medio de la función *mtext* (mediante los campos *side* = 3 y *line* = 2, situándolo en la parte superior):

```
pos_inicial <- espacio + ancho/2
longitud <- length(colnames(matriz)) - 1
v <- Reduce(function(v, x) v + 2 * ancho/2 + espacio, x=numeric(longitud),
            init=pos_inicial, accumulate=TRUE)
axis(side = 3, at = v, colnames(matriz), col.axis = "blue")
mtext("SEMANAS", side = 3, line = 2.2, cex = 1.25)
```

3. **Los números de modalidad deben estar a la izquierda, en azul. Agrega un título al gráfico**. De forma similar al eje X, mediante la función *axis* creamos el eje Y (**side = 2**). Para denotar la posición donde debe situarse cada modalidad, nuevamente mediante una función *Reduce* calculamos la distancia de separación entre cada valor (dado que en el eje Y no existe separación entre barras, sólo se tiene en cuenta el ancho). Finalmente, mediante la función *title* añadimos un título al gráfico, situándolo en la parte superior (**line = 4**), así como una leyenda en la parte superior derecha:

```
pos_inicial_2 <- ancho / 2
longitud_2 <- length(row.names(matriz)) / 2 - 1
w <- Reduce(function(w, x) w + 2 * ancho/2, x=numeric(longitud_2),
            init=pos_inicial_2, accumulate=TRUE)
axis(side = 2, at = w, row.names(matriz)[seq(1,length(row.names(matriz)),2)],
     col.axis = "blue", cex = 125)
title("FRECUENCIAS DE ARDOR DE HIDROGEL - SEMANAS 1 A LA 7", line = 4, cex.main = 1.25)
legend(x= "topright",  legend = c("FREC. ARDOR", "FREC. SIN ARDOR"),
       inset = c(-0.2, 0), fill = c("red", "white"),
       cex = 0.6, text.font = 2, bg = 'white')
```

Si nos fijamos en la función *axis* podemos observar que, del conjunto de nombres de fila que previamente hemos asociado a la matriz:

$$(1, 1 - f_1, 2, 1 - f_2, 3, 1 - f_3, 4, 1 - f_4)$$

Sólo extraemos aquellos situados en las posiciones impares, esto es, **los número de modalidad** :

```
row.names(matriz)[seq(1,length(row.names(matriz)),2)]
```

Una vez creada la función, realizamos la prueba final, empleando como ancho de barra 1 y espacio 0.2 entre barra y barra (en el eje X):

```
mostrar_frecuencias(matriz.frecuencias, 1, 0.2)
```