

## LAB\_02.R

isa\_r

2022-02-11

```
# Amanda
# 10/02/2022
# Laboratorio 2

# Importar datos -----
--

getwd()

## [1] "C:/Users/isa_r/OneDrive - Universidad Autonoma de Nuevo León/2do.
SEMESTRE/PRINCIPIOS DE ESTADÍSTICA/Amanda_Estadistica_2022/Laboratorios"

setwd("C:/Users/isa_r/OneDrive - Universidad Autonoma de Nuevo León/2do.
SEMESTRE/PRINCIPIOS DE ESTADÍSTICA/Amanda_Estadistica_2022/Laboratorios")
trees <- read.csv("BDH_1.csv", header = T)
head(trees)

##   Tree  dbh parcela
## 1    1 16.5      1
## 2    2 25.3      1
## 3    3 22.1      1
## 4    4 17.2      1
## 5    5 16.1      1
## 6    6  8.1      1

# Ingresar datos directo en la consola

dbh <- c(16.5, 25.3, 22.1, 17.2, 16.1, 8.1, 34.3, 5.4, 5.7, 11.2, 24.1,
14.5, 7.7, 15.6, 15.9, 10, 17.5, 20.5, 7.8, 27.3, 9.7, 6.5, 23.4, 8.2,
28.5, 10.4, 11.5, 14.3, 17.2, 16.8)

# Datos de URL no seguras (http)

prof.url <-
"http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/7635/1/accionesInspeccionvsr
m.csv"
Profepa <- read.csv(prof.url)
head(Profepa)

##           Estado           Materia Inspección Operativo
## 1 Aguascalientes Recursos marinos           0           0
```

```
## 2 Baja California Recursos marinos 2 13
## 3 Baja California Sur Recursos marinos 20 21
## 4 Campeche Recursos marinos 6 2
## 5 Chiapas Recursos marinos 2 1
## 6 Chihuahua Recursos marinos 0 0
```

```
prof_url_2 <- paste0("http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/",
                     "file/7635/1/accionesInspeccionvsrm.csv")
profepa2 <- read.csv(prof_url_2)
head(profepa2)
```

```
##          Estado      Materia Inspección Operativo
## 1 Aguascalientes Recursos marinos 0 0
## 2 Baja California Recursos marinos 2 13
## 3 Baja California Sur Recursos marinos 20 21
## 4 Campeche Recursos marinos 6 2
## 5 Chiapas Recursos marinos 2 1
## 6 Chihuahua Recursos marinos 0 0
```

*# Datos de URL seguras (https): Dropbox y Github*

```
library(repmis) # descargar
conjunto <-
source_data("https://www.dropbox.com/s/hmsf07bbayxv6m3/cuadro1.csv?dl=1")
```

```
## Downloading data from:
https://www.dropbox.com/s/hmsf07bbayxv6m3/cuadro1.csv?dl=1
```

```
## SHA-1 hash of the downloaded data file is:
## 2bdde4663f51aa4198b04a248715d0d93498e7ba
```

*head(conjunto) # muestra las primeras seis filas de la BD*

```
## Arbol Fecha Especie Clase Vecinos Diametro Altura
## 1 1 12 F C 4 15.3 14.78
## 2 2 12 F D 3 17.8 17.07
## 3 3 9 C D 5 18.2 18.28
## 4 4 9 H S 4 9.7 8.79
## 5 5 7 H I 6 10.8 10.18
## 6 6 10 C I 3 14.1 14.90
```

```
library(readr)
file <- paste0("https://raw.githubusercontent.com/mgtagle/",
               "202_Analisis_Estadistico_2020/master/cuadro1.csv")
inventario <- read.csv(file)
head(inventario)
```

```
## Arbol Fecha Especie Clase Vecinos Diametro Altura
## 1 1 12 F C 4 15.3 14.78
## 2 2 12 F D 3 17.8 17.07
## 3 3 9 C D 5 18.2 18.28
## 4 4 9 H S 4 9.7 8.79
```

```
## 5      5      7      H      I      6      10.8  10.18
## 6      6     10      C      I      3      14.1  14.90

# Operaciones con la base de datos -----
--

mean(trees$dbh) # signo $ informa la columna
## [1] 15.64333

sd(trees$dbh)

## [1] 7.448892

# Selección mediante restricciones
# igual o mayor (>=), mayor que (>), igual que (==), igual o menor (<=),
# menor que (<), no igual (!=)

altura <- subset(trees, trees$dbh < 10)

# indica la sumatoria de los individuos en el objeto tree con un dbh < a
# 10
sum(trees$dbh < 10)

## [1] 8

which(trees$dbh < 10)

## [1]  6  8  9 13 19 21 22 24

trees.13 <- trees[!(trees$parcela=="2"),]
trees.13

##      Tree  dbh parcela
## 1      1 16.5      1
## 2      2 25.3      1
## 3      3 22.1      1
## 4      4 17.2      1
## 5      5 16.1      1
## 6      6  8.1      1
## 7      7 34.3      1
## 8      8  5.4      1
## 9      9  5.7      1
## 10     10 11.2      1
## 21     21  9.7      3
## 22     22  6.5      3
## 23     23 23.4      3
## 24     24  8.2      3
## 25     25 28.5      3
## 26     26 10.4      3
## 27     27 11.5      3
## 28     28 14.3      3
```

```

## 29    29 17.2      3
## 30    30 16.8      3

# selección de submuestra
trees.1 <- subset(trees, dbh <= 10)
head(trees.1)

##      Tree  dbh parcela
## 6         6  8.1       1
## 8         8  5.4       1
## 9         9  5.7       1
## 13        13  7.7       2
## 16        16 10.0       2
## 19        19  7.8       2

mean(trees$dbh)

## [1] 15.64333

mean(trees.1$dbh)

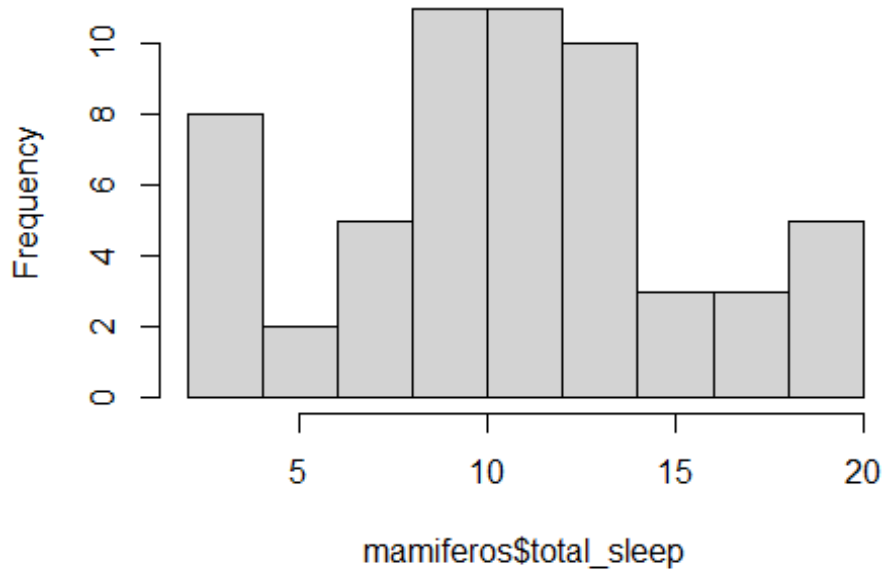
## [1] 7.677778

# Representación gráfica -----
--

# Histogramas
mamiferos <- read.csv("https://www.openintro.org/data/csv/mammals.csv")
hist(mamiferos$total_sleep)

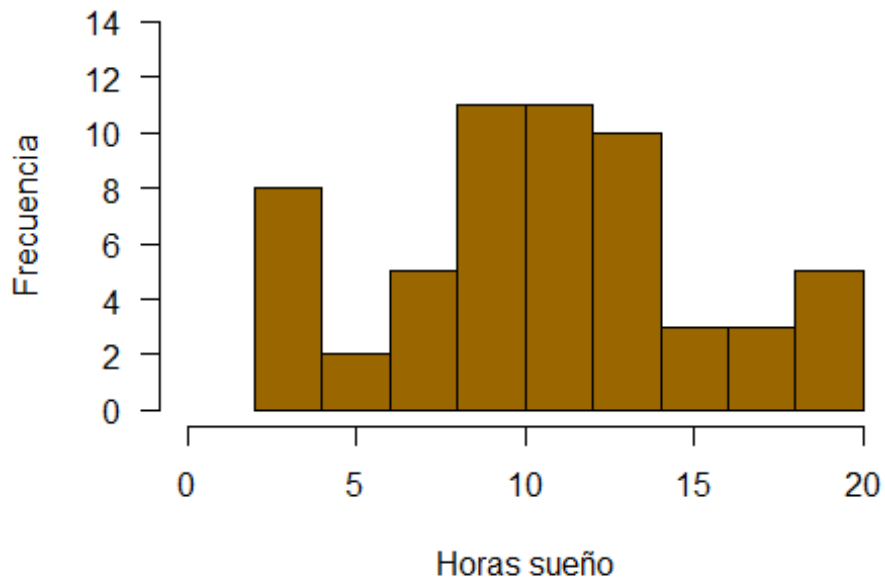
```

**Histogram of mamiferos\$total\_sleep**



```
hist(mamiferos$total_sleep, # Datos
      xlim = c(0,20), ylim = c(0,14), # Cambiar Los Límites de x & y
      main = "Total de horas sueño de las 39 especies", # Cambiar el
      título
      xlab = "Horas sueño", # Cambiar eje de Las x
      ylab = "Frecuencia", # Cambiar eje de Las y
      las = 1, # Cambiar orientación de y
      col = "#996600") # Cambiar color de Las barras
```

## Total de horas sueño de las 39 especies



*# Barplot o gráfico de barras*

```
data("chickwts")
```

```
head(chickwts[c(1:2,42:43, 62:64), ])
```

```
##   weight    feed
## 1    179 horsebean
## 2    160 horsebean
## 42   226 sunflower
## 43   320 sunflower
## 62   379  casein
## 63   260  casein
```

```
feeds <- table(chickwts$feed)
```

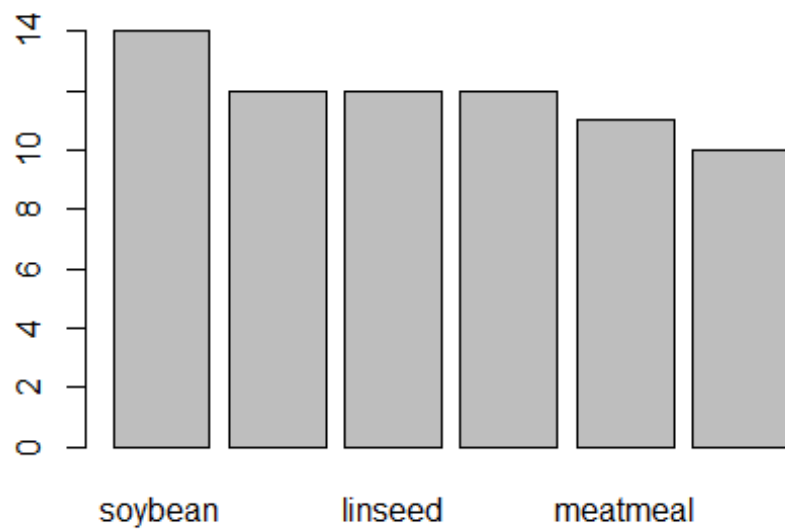
```
feeds
```

```
##
##   casein horsebean  linseed  meatmeal  soybean sunflower
##      12       10      12      11      14       12
```

```
barplot(feeds)
```



```
barplot(feeds[order(feeds, decreasing = TRUE)])
```



```
# Autoevaluación
```

```
barplot(sort(feeds), horiz = TRUE,
        main = "Frecuencias por tipos de alimentación",
        las = 1, xlab = "Número de pollos",
        col = c("#FFA000", "#FFB300", "#FFC107", "#FFCA28", "#FFD54F",
        "#FFE082"))
```

