

# Graficos

Diego Vega Viquez

## Resultados

```
base <- read_excel("data/base_agua_limpia.xlsx")
str(base)
```

```
tibble [43 x 45] (S3: tbl_df/tbl/data.frame)
 $ sitio          : chr [1:43] "Agujitas" "Agujitas" "Agujitas" "Agujitas" ...
 $ ubi_muestra    : chr [1:43] "Fondo" "Superficie" "Fondo" "Superficie" ...
 $ cuerpo         : chr [1:43] "Dulce" "Dulce" "Dulce" "Dulce" ...
 $ fecharecolectaf: POSIXct[1:43], format: "2019-02-15" "2019-02-17" ...
 $ fecharecolectaj: POSIXct[1:43], format: "2019-07-29" "2019-07-29" ...
 $ horarecolectaf : chr [1:43] "11:30:00" "08:22:00" "08:09:00" "11:04:00" ...
 $ horarecolectaj : chr [1:43] "13:43:00" "13:43:00" "13:53:00" "13:53:00" ...
 $ profundidad    : num [1:43] 10 0 16.8 0 23.9 0 21 0 34.5 0 ...
 $ salinidad      : num [1:43] 31 30 30 29 33 30 29 32 30 28 ...
 $ oxigeno        : num [1:43] 5.61 6.41 5.81 6.15 4.76 ...
 $ sat_oxigen     : num [1:43] 95.9 110.3 99.6 106.1 82.9 ...
 $ precipitacionf : num [1:43] 0 0 0 0 0.01 0 0.01 0.02 0.02 0.02 ...
 $ tempairef      : num [1:43] 29.2 28.7 28.6 28.6 29.4 ...
 $ precipitacionj : num [1:43] 0.74 0.74 0.88 0.88 0.72 0.72 0.75 0.75 0.75 0.75 ...
 $ tempaguaaj     : num [1:43] 30.7 30.7 30.4 30.4 30.4 30.4 30.4 30.4 30.2 30.2 ...
 $ tempairej      : num [1:43] 31.2 31.2 31.1 31.1 30.1 30.1 29.8 29.8 30.7 30.7 ...
 $ colifecalj     : num [1:43] 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ ecolij         : num [1:43] 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ enterococoj    : num [1:43] 1 1 1 1 1 1 1 1 1.8 1.8 ...
 $ ph             : num [1:43] 8.05 8.06 8.13 8.08 8.14 8.12 7.99 8.14 7.97 8.21 ...
 $ fosfatos       : num [1:43] 0.35 0.32 0.9 0.41 0.33 2.65 0.76 0.33 1.12 0.34 ...
 $ silicatos      : num [1:43] 8.2 12.93 0.00001 0.00001 0.00001 ...
 $ amonio         : num [1:43] 3.83 3.61 4.02 3.67 4.48 3.88 3.73 5.25 3.32 5.04 ...
 $ nitritos       : num [1:43] 6.72 6.17 7 5.89 8.4 7.7 7.84 8.12 8.68 7.42 ...
```

```

$ nitratos      : num [1:43] 6.07 5.31 6.66 5.4 7.29 7.71 8.95 9.67 8.55 9.42 ...
$ chla_agua     : num [1:43] 0.75 0.2 0.17 0.25 0.24 0.13 0.76 0.27 0.9 0.43 ...
$ faopigmentos  : num [1:43] 0.1 0.35 -0.06 -0.17 -0.47 -0.31 0.21 -0.09 0.18 -0.25 ...
$ matsuspension : num [1:43] 1.26 1.32 0.95 1.01 1.14 0.88 1.55 2.21 1.21 1.07 ...
$ alcali_total  : num [1:43] 254 252 250 254 251 ...
$ dureza        : num [1:43] 8018 8205 8018 7877 8064 ...
$ carbonatos    : num [1:43] 7.2 NA 5.37 NA 3.98 NA 13.9 NA 7.1 NA ...
$ zinc          : num [1:43] NA 0.05 NA 0.05 NA 0.06 NA 0.05 NA 0.04 ...
$ cobre         : num [1:43] NA 0.05 NA NA NA 0.05 NA 0.05 NA 0.05 ...
$ ca2           : num [1:43] NA NA NA NA NA NA NA 3.3 NA 4.6 ...
$ mg2           : num [1:43] NA NA NA NA NA NA NA 9 NA 12 ...
$ na            : num [1:43] NA NA NA NA NA ...
$ k             : num [1:43] NA NA NA NA NA NA NA 334 NA 356 ...
$ cl            : num [1:43] NA NA NA NA NA ...
$ SO42          : num [1:43] NA NA NA NA NA ...
$ dbof          : num [1:43] 7.1 7.1 3.2 3.2 12.6 12.6 3.8 1.8 NA NA ...
$ dboj          : num [1:43] 6 6 1.4 1.4 11.1 11.1 14 NA NA NA ...
$ dqof          : num [1:43] 1443 1443 1457 1457 1507 ...
$ dqoj          : num [1:43] 1110 1110 1400 1400 1070 1070 1000 NA NA NA ...
$ latitud       : num [1:43] 8.7 8.7 8.72 8.72 8.72 ...
$ longitud      : num [1:43] -83.7 -83.7 -83.7 -83.7 -83.7 ...

```

```

# Extra: volver a poner las categóricas como factores y la fecha como Date por que
# al pasarse a excel pierde esta característica.

```

```

base$sitio <- as.factor(base$sitio)
base$cuerpo <- as.factor(base$cuerpo)
base$ubi_muestra <- as.factor(base$ubi_muestra)
base <- base %>% mutate(across(
  c(sitio, ubi_muestra, cuerpo),
  as.factor
))
table(base$sitio)

```

Agujitas	Claro	Drake	Isla del Caño	Llorona
6	8	6	2	6
Río Agujitas	Río Claro	Río Drake	Río Llorona	Río Sierpe
3	1	2	3	6

```
table(base$ubi_muestra)
```

Fondo	Superficie
17	26

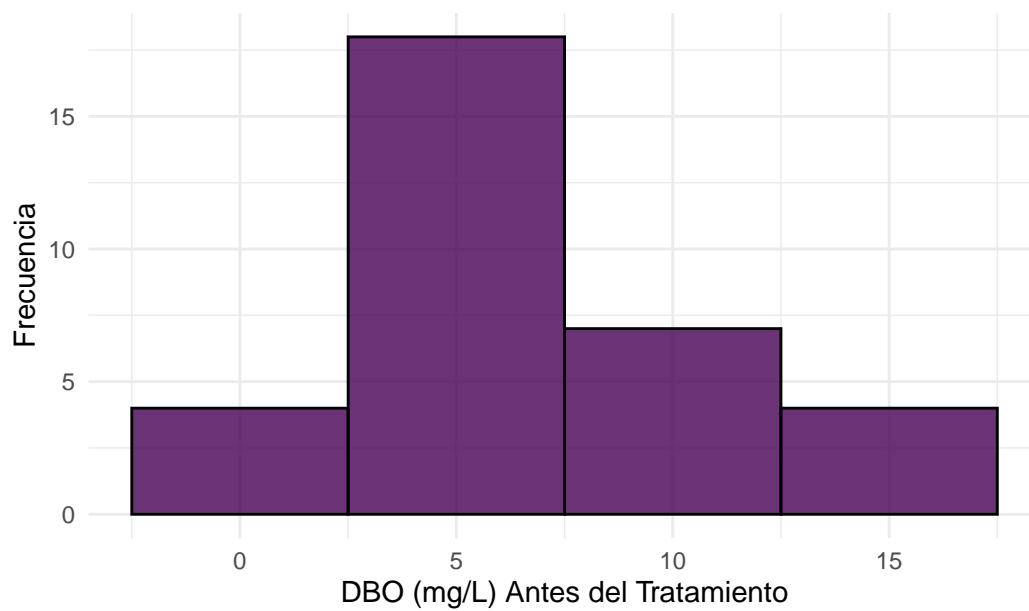
```
table(base$cuerpo)
```

Dulce	Salado
28	15

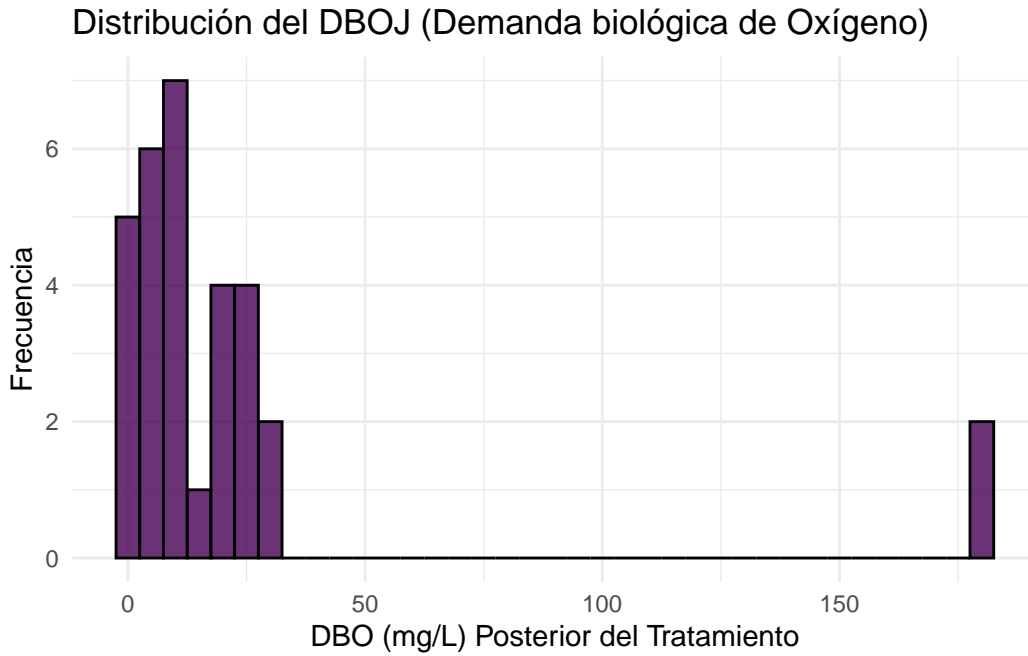
## Gráficos

### Distribución de la demanda biológica de oxígeno antes del tratamiento

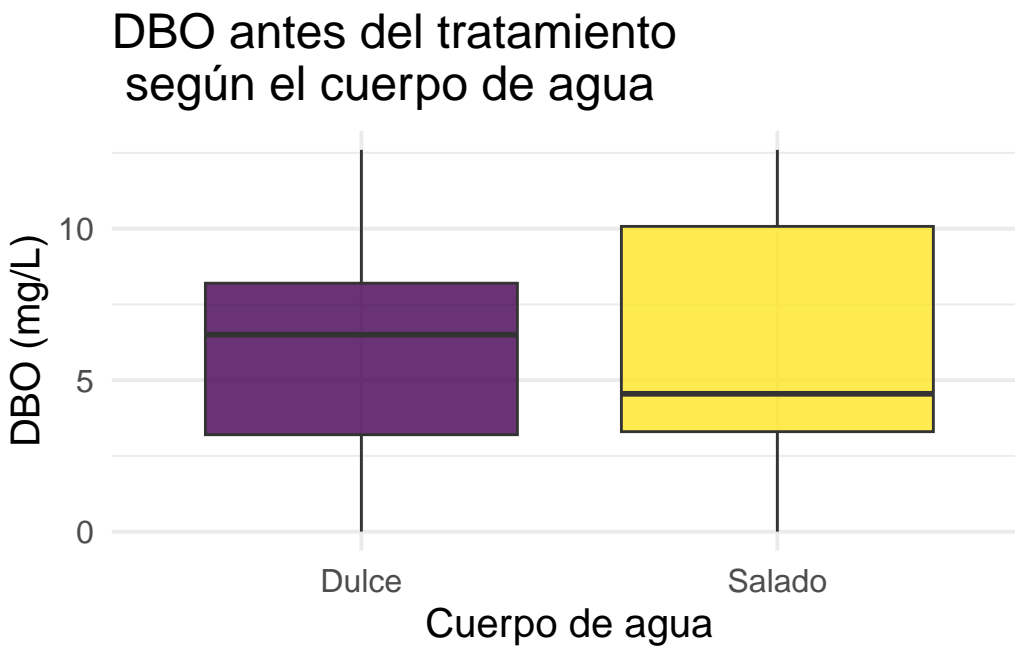
Distribución del DBOF (Demanda biológica de Oxígeno)



## Distribución de la demanda biológica de oxígeno posterior al tratamiento

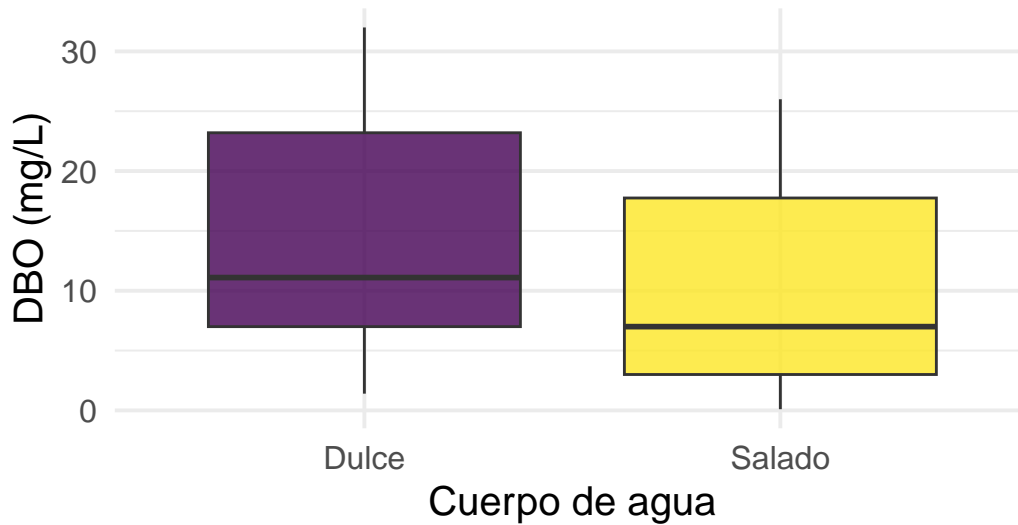


## Boxplot de la demanda biológica de oxígeno antes al tratamiento



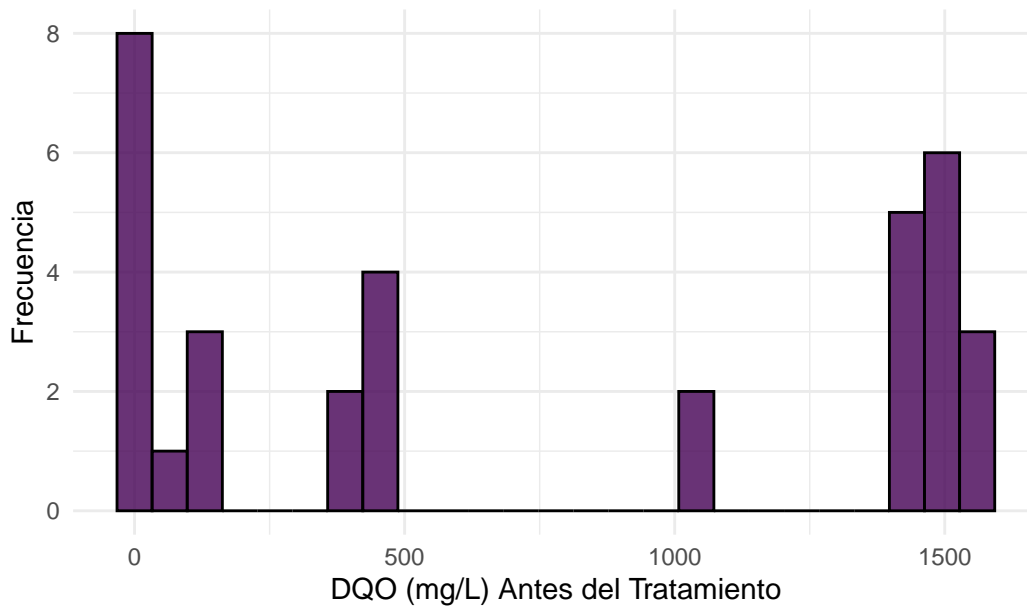
### Boxplot de la demanda biológica de oxígeno posterior al tratamiento

DBO posterior del tratamiento  
según el cuerpo de agua



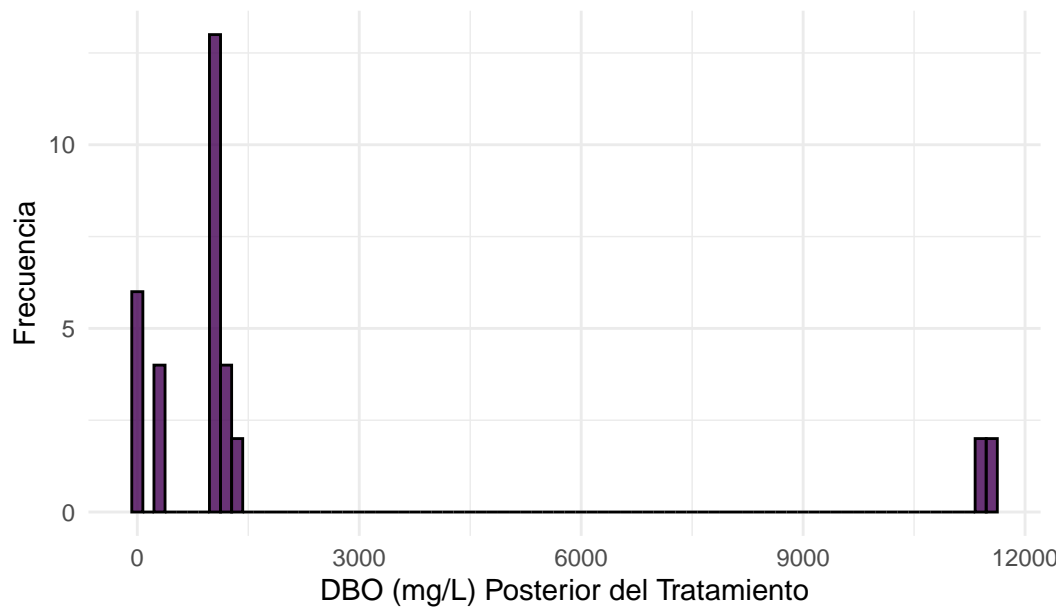
### Distribución de la demanda química de oxígeno antes del tratamiento

Distribución del DQOF (Demanda química de Oxígeno)



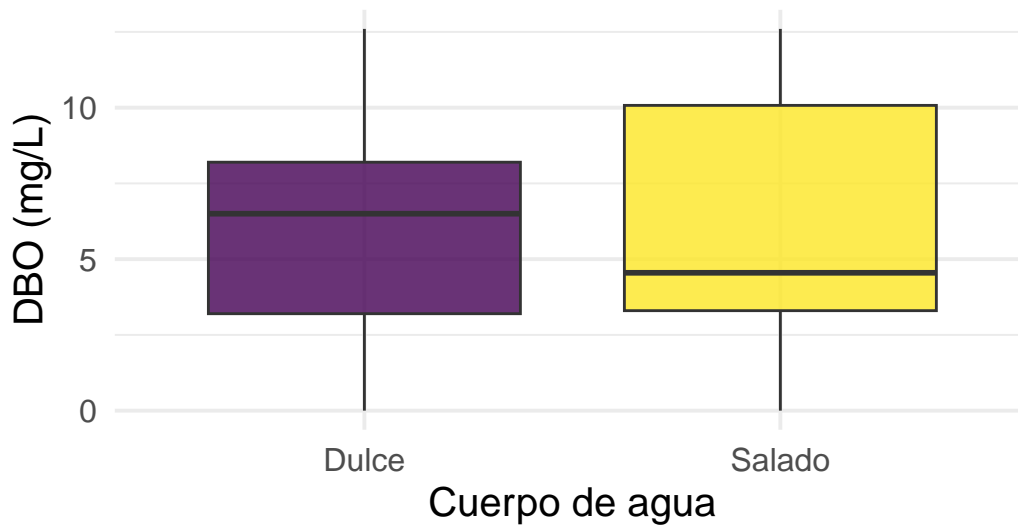
## Distribución de la demanda biológica de oxígeno posterior al tratamiento

Distribución del DQOJ (Demanda química de Oxígeno)



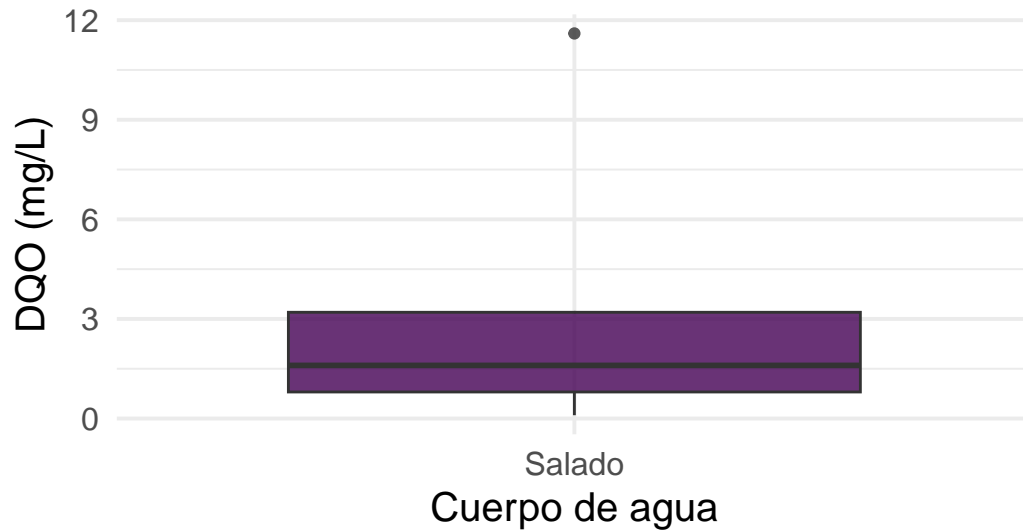
## Boxplot de la demanda biológica de oxígeno antes al tratamiento

DBO antes del tratamiento  
según el cuerpo de agua



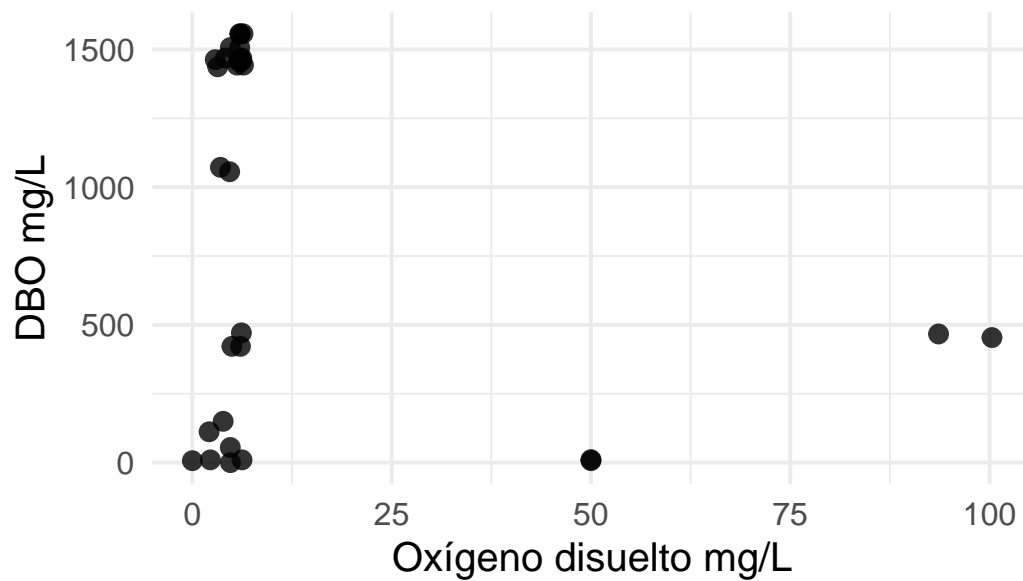
### Boxplot de la demanda biológica de oxígeno posterior al tratamiento

DQO posterior del tratamiento  
según el cuerpo de agua

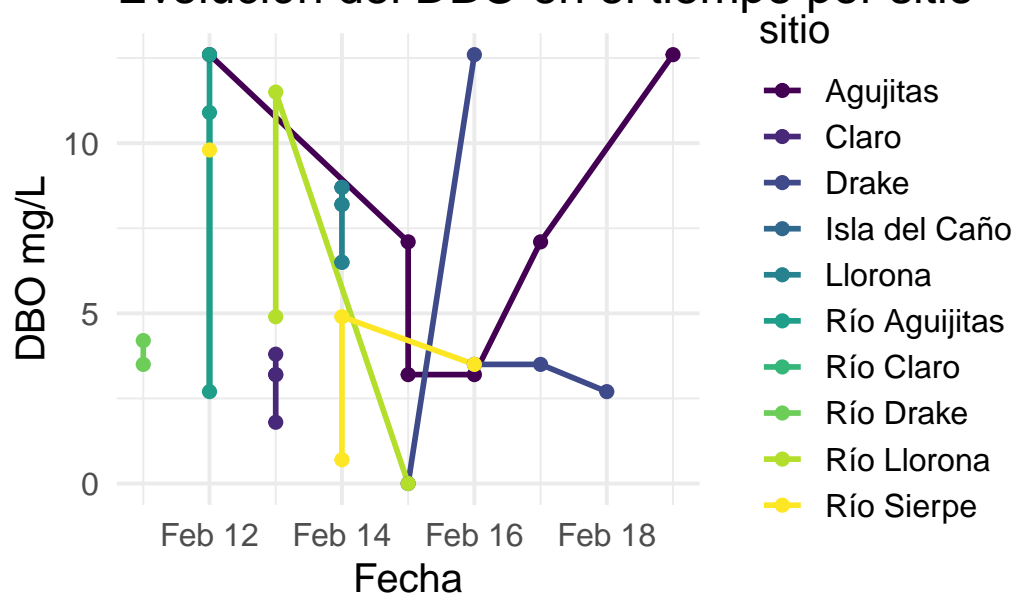


### Boxplot de DBO según la calidad del agua

Oxígeno disuelto vs DBO

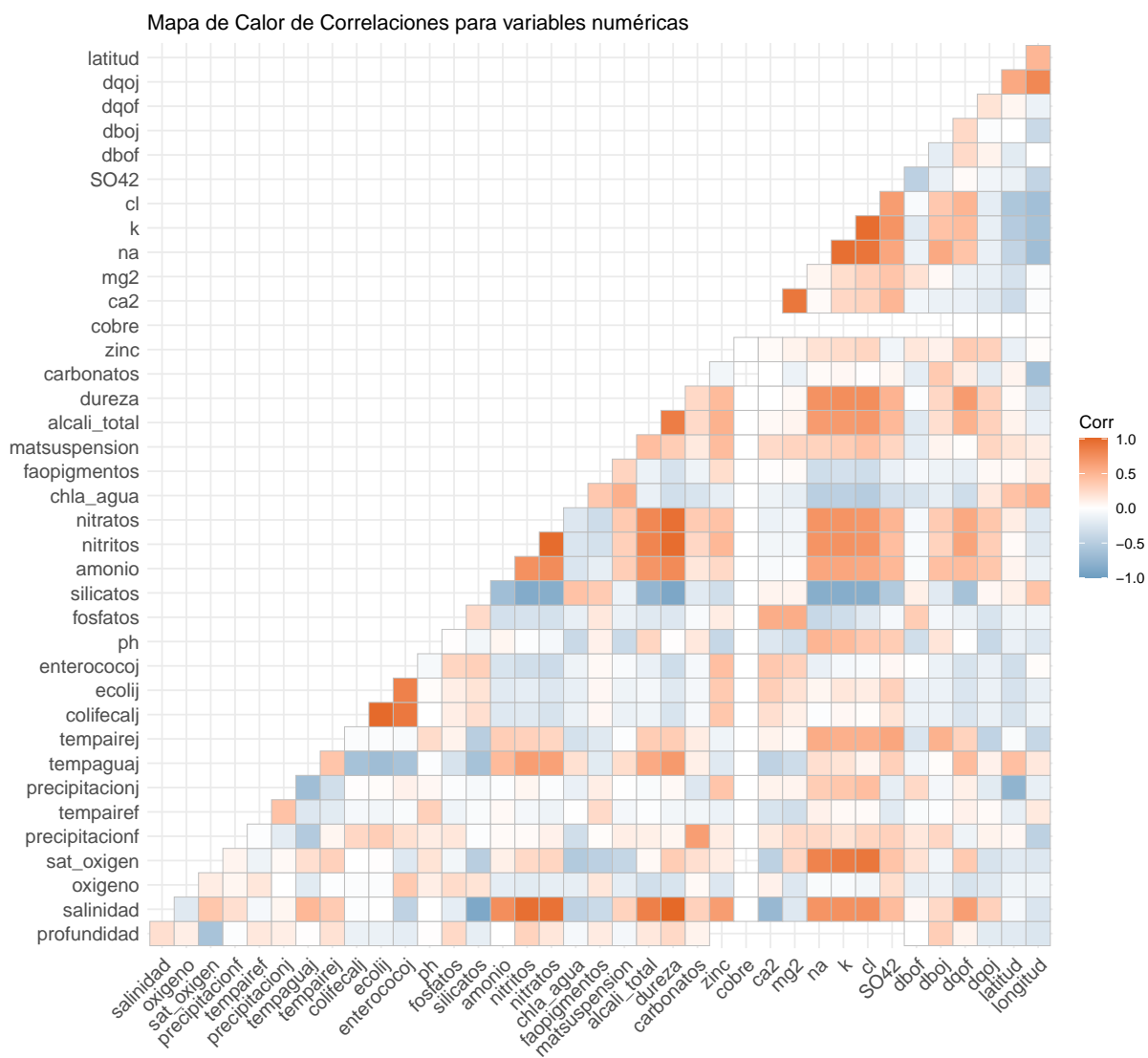


## Evolución del DBO en el tiempo por sitio

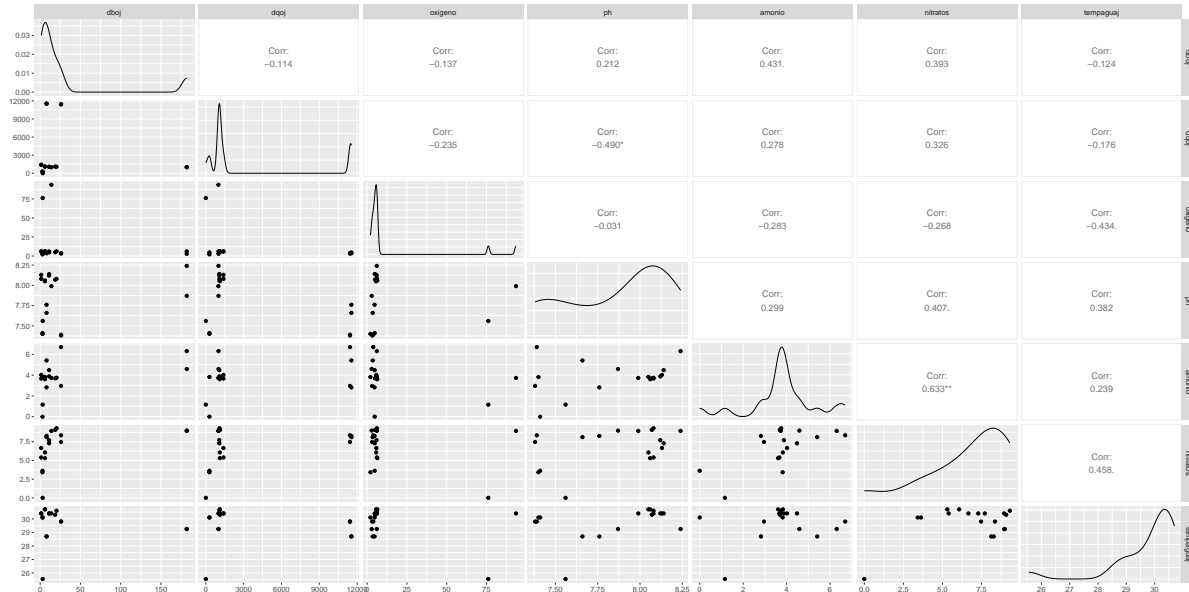




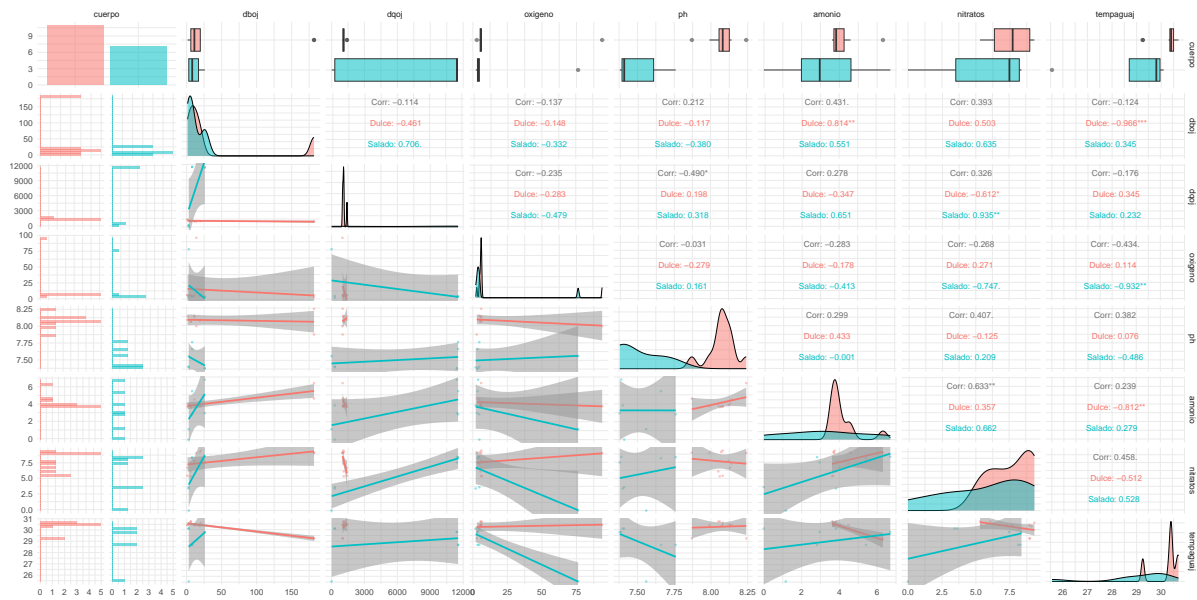
## Heatmap de Correlación



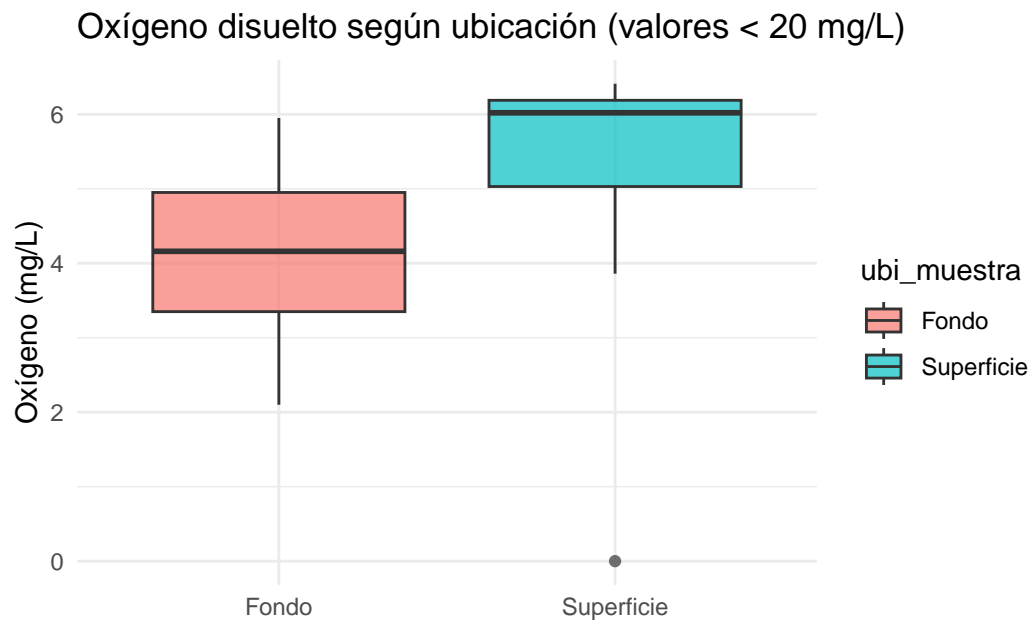
## Matriz de Dispersión: DBO, DQO y Variables Relevantes



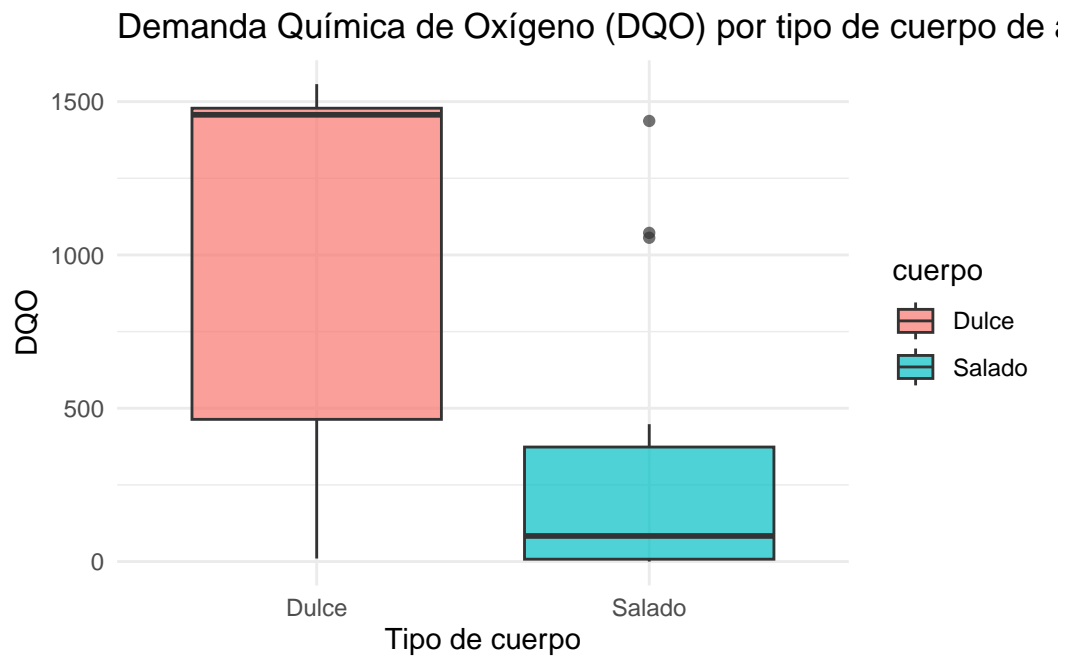
## Matriz de correlaciones visuales y distribuciones para variables fisicoquímicas



## Ubicación

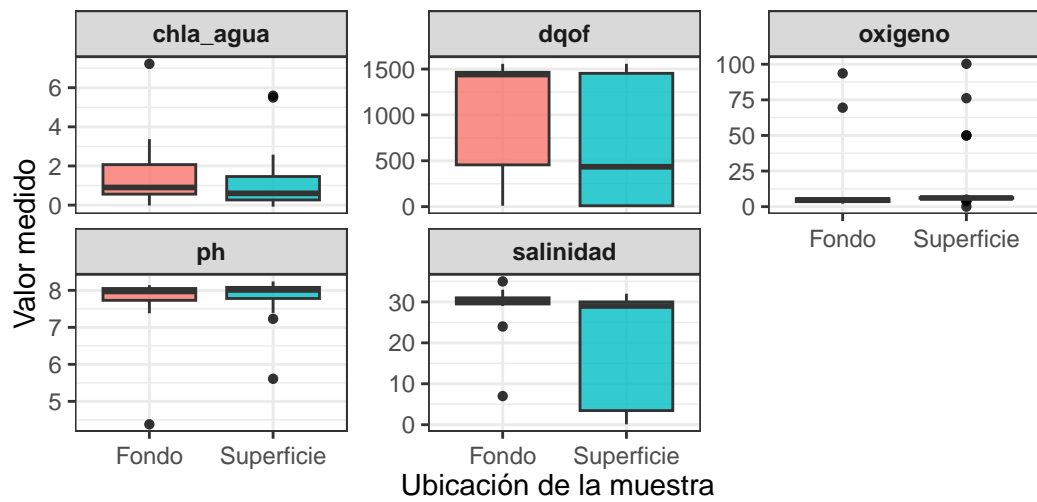


## DQO por tipo de Cuerpo



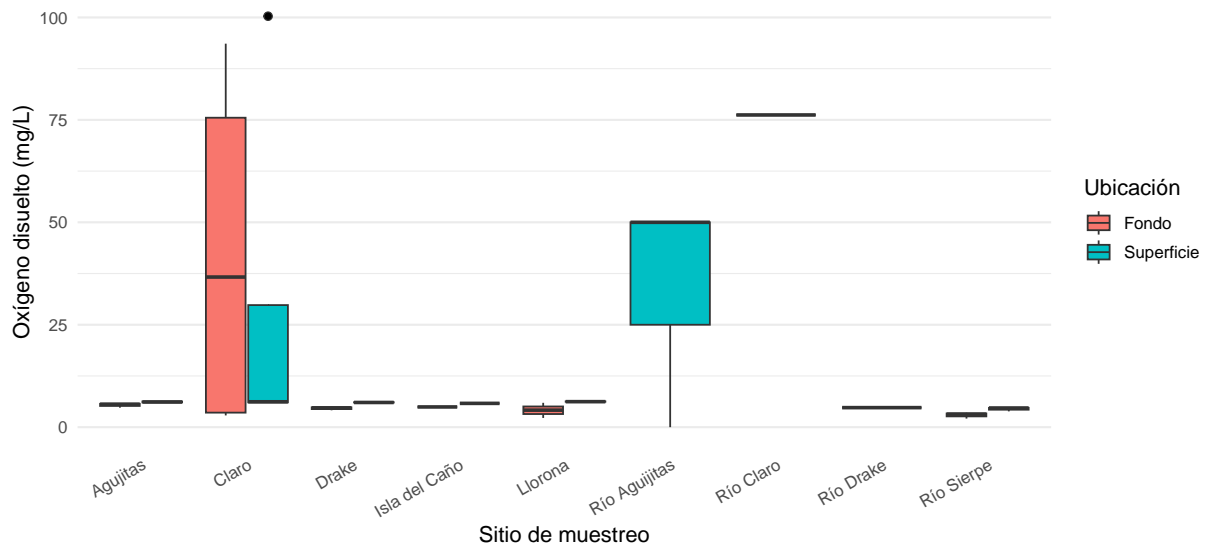
## Distribución conjunta (facet) para varias variables clave

### Distribuciones de variables seleccionadas según ubicación vert

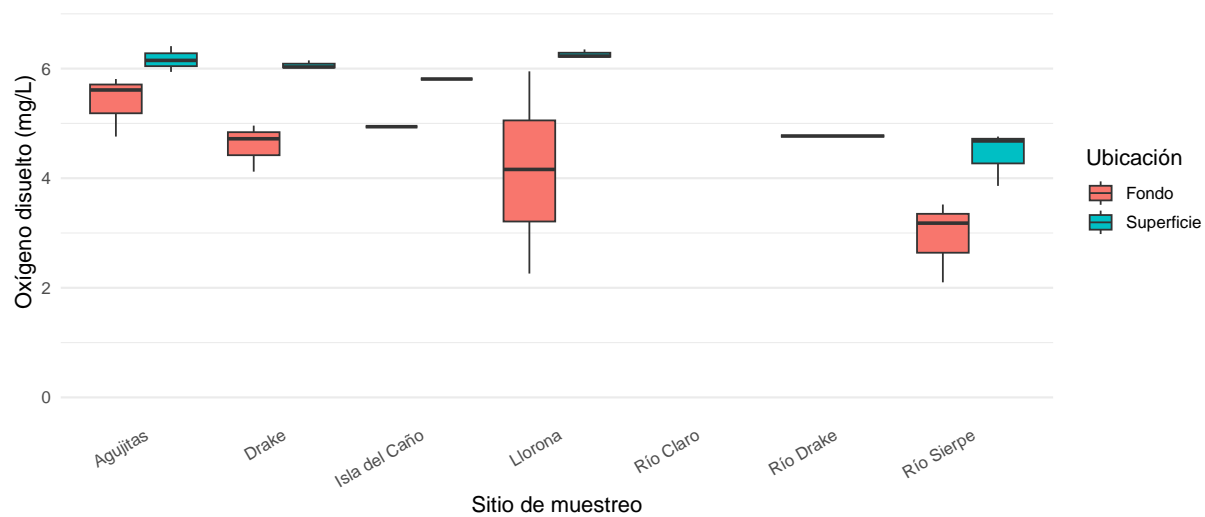


ubi\_muestra Fondo Superficie

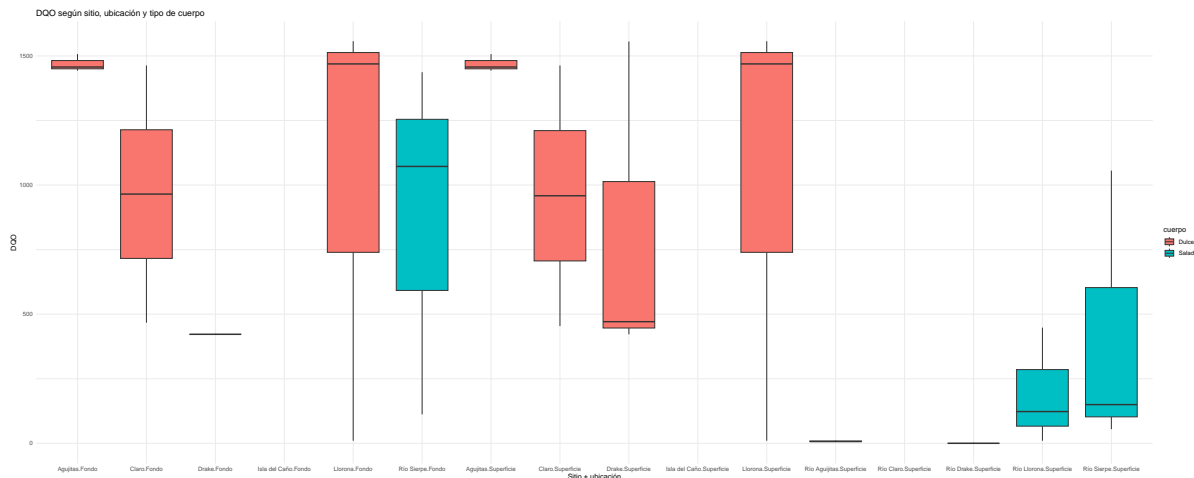
### Oxígeno disuelto por sitio y profundidad



### Oxígeno disuelto por sitio y profundidad sin Claro ni Río Aguijitas



sitio	Dulce	Salado
Agujitas	6	0
Claro	8	0
Drake	6	0
Isla del Caño	2	0
Llorona	6	0
Río Aguijitas	0	3
Río Claro	0	1
Río Drake	0	2
Río Llorona	0	3
Río Sierpe	0	6



```
base %>%
  group_by(sitio, cuerpo, ubi_muestra) %>%
  summarise(
    n = n(),
    dqof_mediana = median(dqof, na.rm = TRUE),
    ph_promedio = mean(ph, na.rm = TRUE),
    salinidad_sd = sd(salinidad, na.rm = TRUE)
  ) %>%
  arrange(desc(dqof_mediana)) %>% kableExtra::kable()
```

`summarise()` has grouped output by 'sitio', 'cuerpo'. You can override using the `.groups` argument.

sitio	cuerpo	ubi_muestra	n	dqof_mediana	ph_promedio	salinidad_sd
Llorona	Dulce	Fondo	3	1469.0	7.876667	0.7637626
Llorona	Dulce	Superficie	3	1469.0	8.013333	1.7559423
Agujitas	Dulce	Fondo	3	1457.0	8.106667	1.5275252
Agujitas	Dulce	Superficie	3	1457.0	8.086667	0.5773503
Río Sierpe	Salado	Fondo	3	1072.0	7.480000	11.5325626
Claro	Dulce	Fondo	4	965.0	7.890000	2.6299556
Claro	Dulce	Superficie	4	958.5	8.167500	1.8929694
Drake	Dulce	Superficie	3	471.0	7.246667	0.5773503
Drake	Dulce	Fondo	3	422.0	6.836667	0.0000000
Río Sierpe	Salado	Superficie	3	150.0	7.520000	14.0000000
Río Llorona	Salado	Superficie	3	123.0	7.636667	NA
Río Agujitas	Salado	Superficie	3	7.0	7.966667	0.4163332

sitio	cuerpo	ubi_muestra	n	dqof_mediana	ph_promedio	salinidad_sd
Río Drake	Salado	Superficie	2	0.0	8.000000	0.0707107
Isla del Caño	Dulce	Fondo	1	NA	8.030000	NA
Isla del Caño	Dulce	Superficie	1	NA	8.040000	NA
Río Claro	Salado	Superficie	1	NA	7.560000	NA