

LAB.-3—Parte-2.R

angel

2025-11-26

```
#####
# LAB.3 - Parte "2"
# FLOR ANGELI CRUZ ROSALES
# DR. MARCO A. GONZALEZ TAGLE
# 21/08/25
#####

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)

url <- "https://repodatos.atdt.gob.mx/api_update/senasica/actividades_inspeccion_movilizacion/29_activi
inspeccion <- read.csv(url)
head (inspeccion)
```

```
##          pvif entidad_federativa   temporalidad vci  vpi  vli  ci  cai
## 1      Altamira      Tamaulipas Primer trimestre 1105 10875   41 1105  665
## 2      Catazaja      Chiapas Primer trimestre 3743    0    0 3743    0
## 3      Huixtla      Chiapas Primer trimestre 8930  7983 11317 8930 7743
## 4      Trinitaria      Chiapas Primer trimestre 2464  2406  4438 2464 2121
## 5 Cosamaloapan      Veracruz Primer trimestre 6733    0    0 6733    0
## 6 El Tepetate      Nuevo León Primer trimestre 2643   325 12767 2643  974
##      cpi oci crsr crsd
## 1  440   0   4   11
## 2 3743   0  40    0
## 3 1076 111  10    8
## 4   246  97   2    0
## 5  6733   0  29    0
## 6 1669   0  21    5
```

```
prof_url_2 <- paste0("https://repodatos.atdt.gob.mx/api_update/senasica/",
                    "actividades_inspeccion_movilizacion/",
                    "29_actividades-inspeccion-movilizacion.csv")

# No olvidar cargar la paquetería
library(repmis)
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)
```

```
##   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)
```

```
## Rows: 50 Columns: 7
```

```
## -- Column specification -----
## Delimiter: ","
## chr (2): Especie, Clase
## dbl (5): Arbol, Fecha, Vecinos, Diametro, Altura
##
## i Use 'spec()' to retrieve the full column specification for this data.
## i Specify the column types or set 'show_col_types = FALSE' to quiet this message.
```

```
head(inventario)
```

```
## # A tibble: 6 x 7
##   Arbol Fecha Especie Clase Vecinos Diametro Altura
##   <dbl> <dbl> <chr>   <chr>   <dbl>   <dbl>   <dbl>
## 1     1    12 F      C        4      15.3  14.8
## 2     2    12 F      D        3      17.8  17.1
## 3     3     9 C      D        5      18.2  18.3
## 4     4     9 H      S        4       9.7   8.79
## 5     5     7 H      I        6      10.8  10.2
## 6     6    10 C      I        3      14.1  14.9
```

```
# Cargar paquete repmis Miscellaneous Tools for Reproducible Research para
# cargar datos en R:source_data, usando la opción de Tools.
# Posteriormente Install packages, se busca repmis en buscador
```

```
#####
# 21/08/2025 P:2 Operaciones con la base de datos
#####
```

```
parcelas <- gl(3,7)
parcelas
```

```
## [1] 1 1 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 2 3 3 3 3 3 3
## Levels: 1 2 3
```

```
# Se agrego una cifra de dbh para completar los 21 datos
trees <- seq(1,21)
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)

trees <- data.frame(trees,dbh,parcelas)
View(trees)
trees
```

```
##      trees  dbh parcelas
## 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         2
## 9      9  5.7         2
## 10     10 11.2         2
## 11     11 24.1         2
## 12     12 14.5         2
## 13     13  7.7         2
## 14     14 15.6         2
## 15     15 15.9         3
## 16     16 10.0         3
## 17     17 17.5         3
## 18     18 20.5         3
## 19     19  7.8         3
## 20     20 27.3         3
## 21     21  9.7         3
```

```
# Agrega el vector dbh como nueva columna en el data frame trees
trees$dbh <- dbh
trees$dbh <- dbh

# El signo de $ informa que necesitamos la columna dbh
mean(trees$dbh)
```

```
## [1] 15.83333
```

```
sd(trees$dbh)
```

```
## [1] 7.725434
```

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

```
## [1] 6
```

```
which(trees$dbh < 10)
```

```
## [1] 6 8 9 13 19 21
```

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

```
##      trees  dbh parcelas  
## 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  
## 15        15 15.9         3  
## 16        16 10.0         3  
## 17        17 17.5         3  
## 18        18 20.5         3  
## 19        19  7.8         3  
## 20        20 27.3         3  
## 21        21  9.7         3
```

```
trees.1<-subset(trees,dbh<=10)  
head(trees.1)
```

```
##      trees  dbh parcelas  
## 6         6  8.1         1  
## 8         8  5.4         2  
## 9         9  5.7         2  
## 13        13  7.7         2  
## 16        16 10.0         3  
## 19        19  7.8         3
```

```
mean(trees$dbh)
```

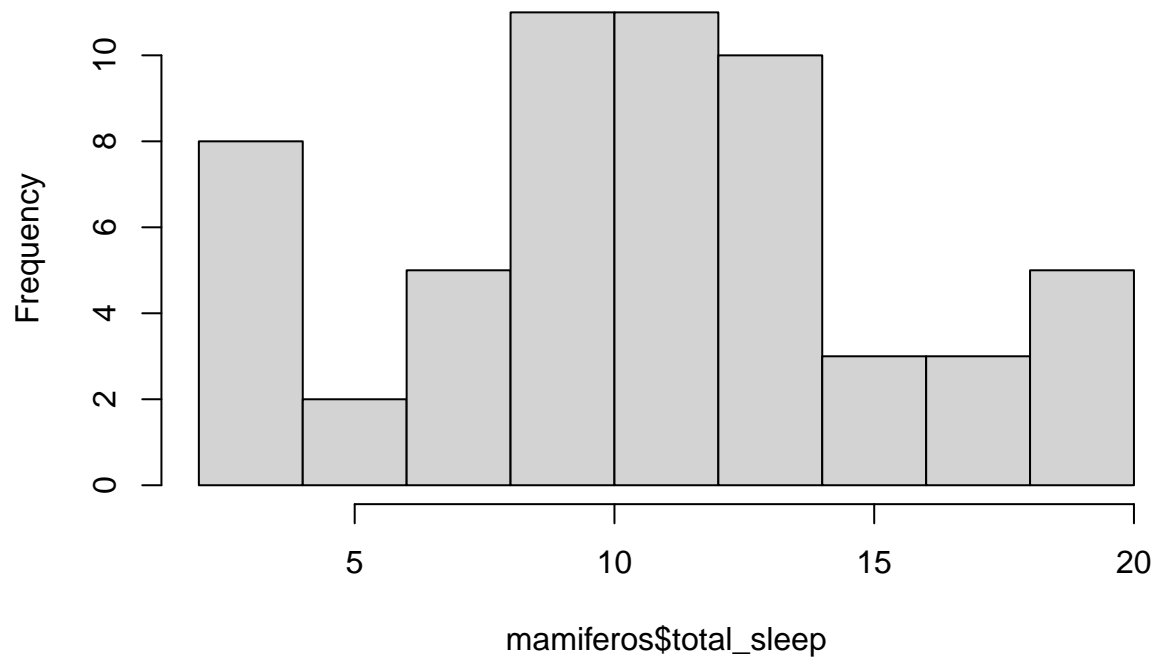
```
## [1] 15.83333
```

```
mean(trees.1$dbh)
```

```
## [1] 7.771429
```

```
#####  
# 21/08/2025 P:3 Representación gráfica  
#####  
  
mamiferos <- read.csv("https://www.openintro.org/data/csv/mammals.csv")  
  
hist(mamiferos$total_sleep)
```

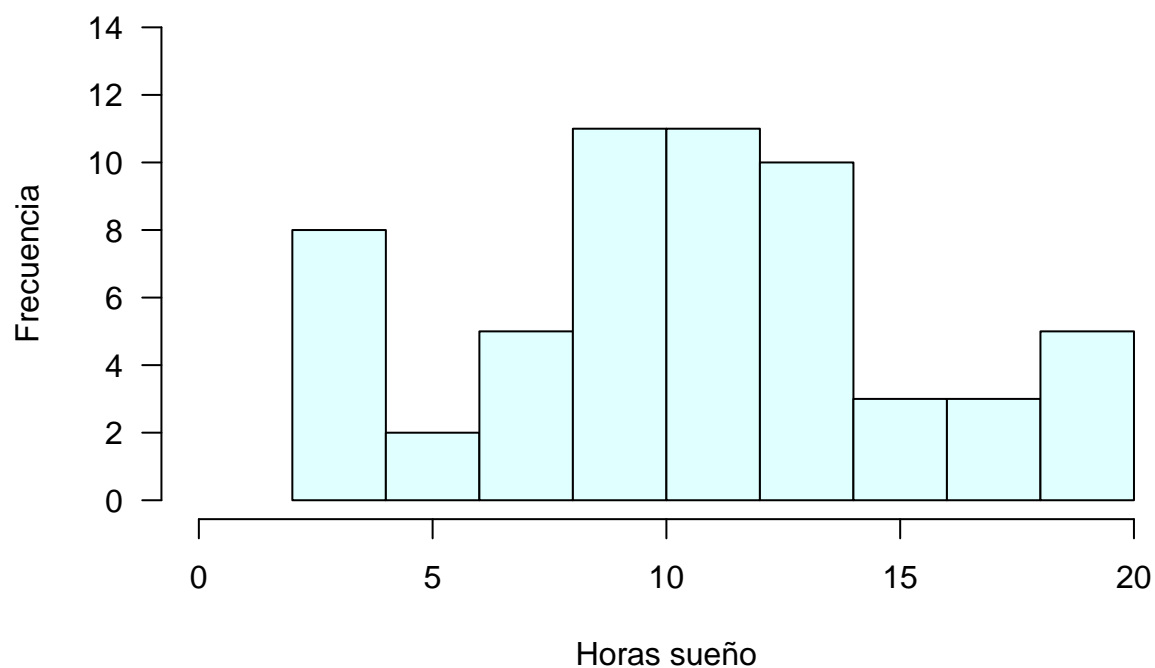
Histogram of mamiferos\$total_sleep



Datos

```
hist(mamiferos$total_sleep,  
     xlim = c(0,20), ylim = c(0,14),  
     main = "Total de horas sueño de las 39 especies",  
     xlab = "Horas sueño",  
     ylab = "Frecuencia",  
     las = 1,  
     col = "#E0FFFF")
```

Total de horas sueño de las 39 especies



```
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
```

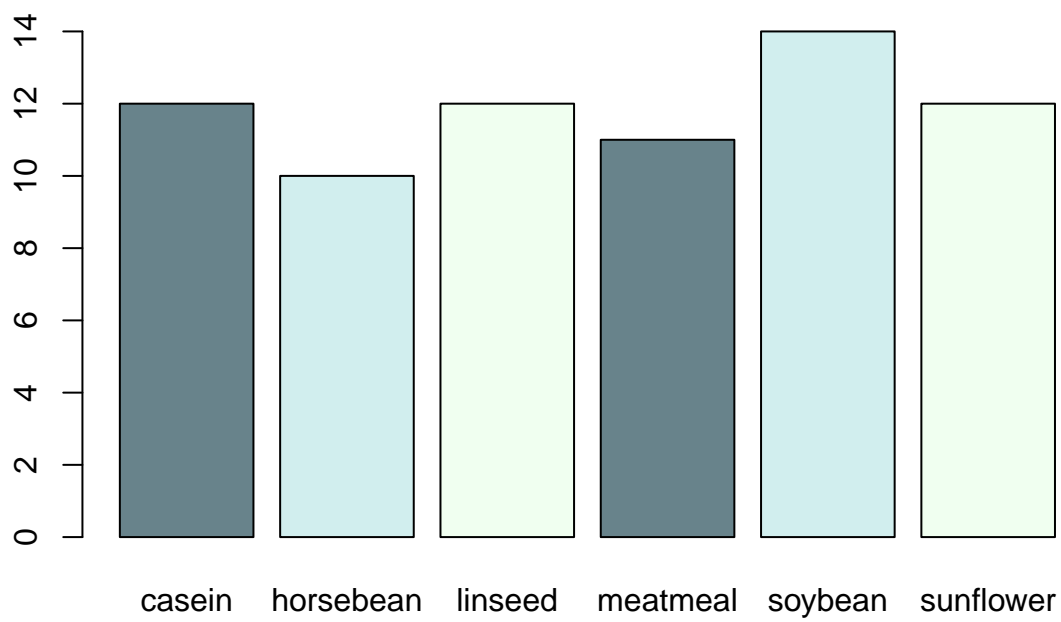
```
feeds <- table(chickwts$feed)
feeds
```

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

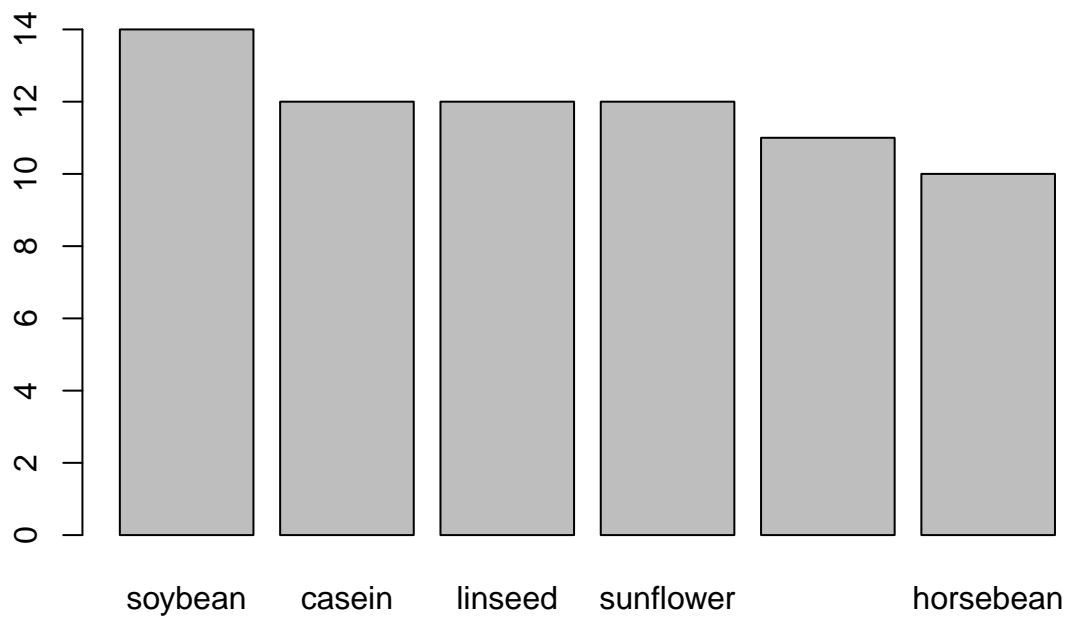
```
barplot(feeds)
```



```
barplot(feeds, col = c("#68838B", "#D1EEEE", "#FOFF0"))
```



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

```
# Tabla de frecuencia tipo alineamiento
feeds <- table(chickwts$feed)

# Ordenar de mayor a menor
barplot(feeds[order(feeds)], horiz = TRUE,
        col = c("#68838B", "#D1EEEE", "#FOFFF0"),
        main = "Horas de sueño de las especies",
        xlab = "Número de horas",
        las = 1)
```

Horas de sueño de las especies

