

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     Catazajá           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>
## 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 Instalar 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 2 2 2 2 2 3 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

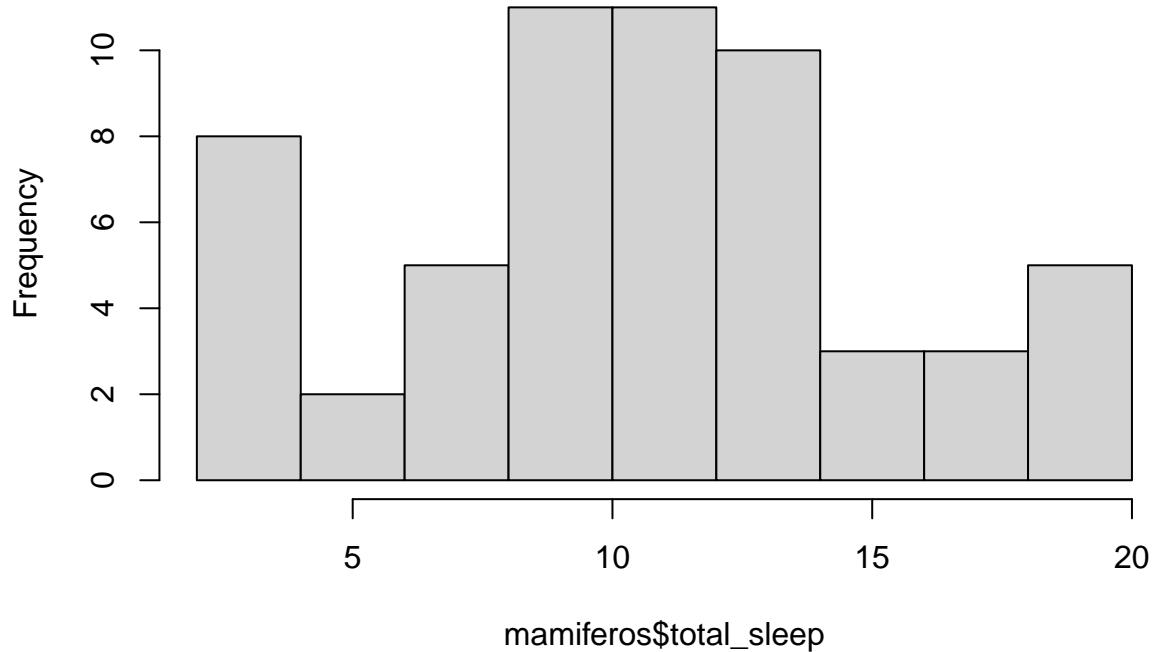
#####
# 21/08/2025 P:3 Representación gráfica
#####

mamiferos <- read.csv("https://www.openintro.org/data/csv/mammals.csv")

hist(mamiferos$total_sleep)

```

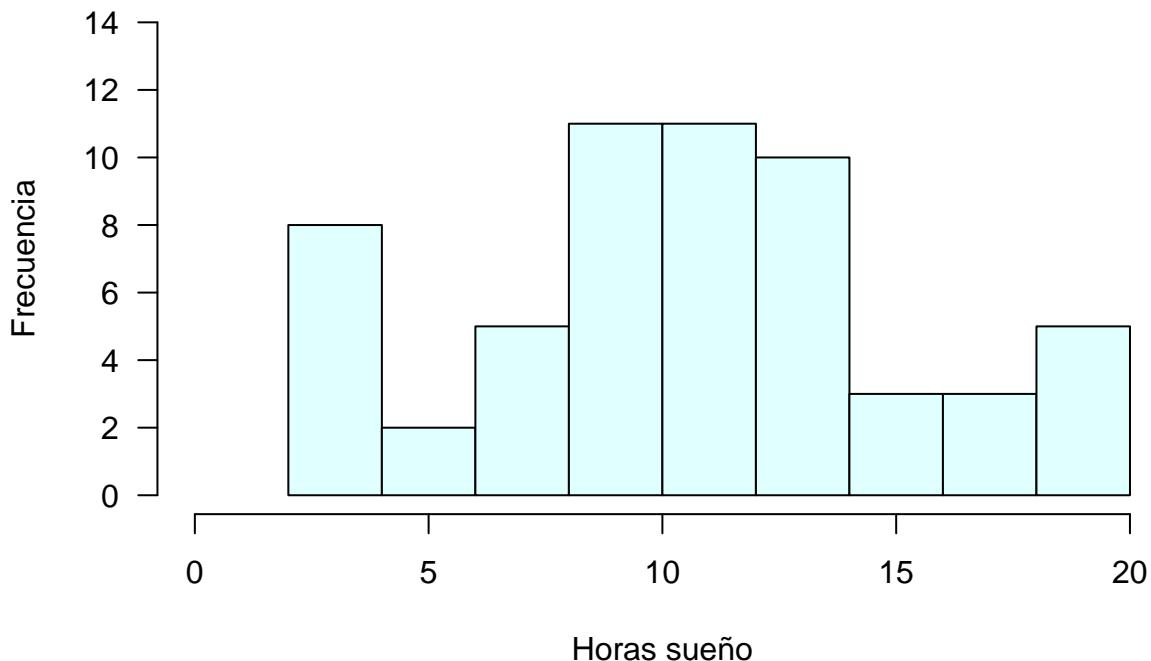
Histogram of mamiferos\$total_sleep



```
# 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

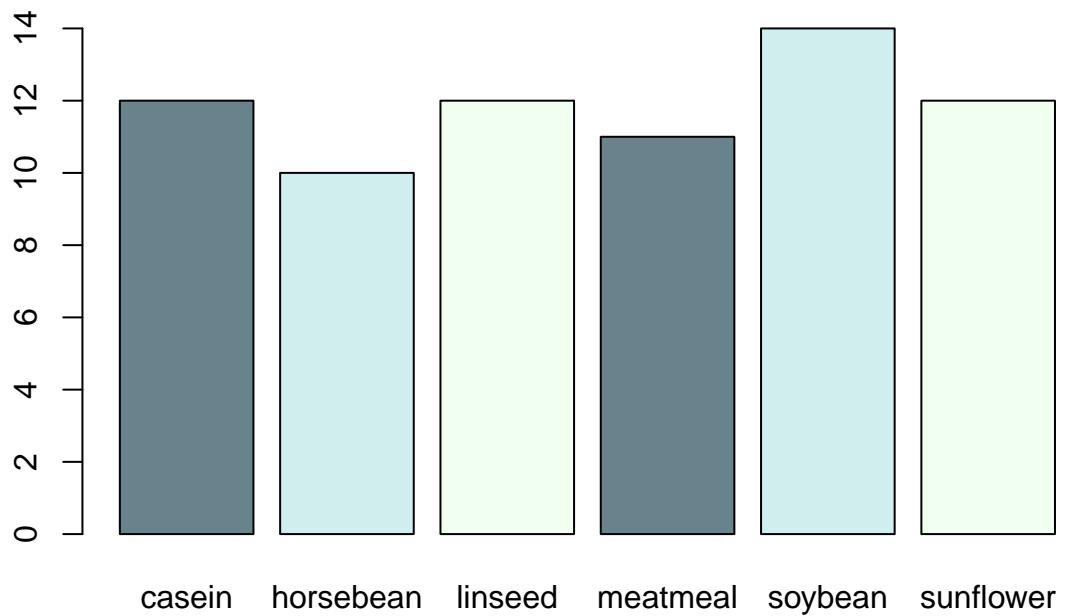
feeds <- table(chickwts$feed)
feeds

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

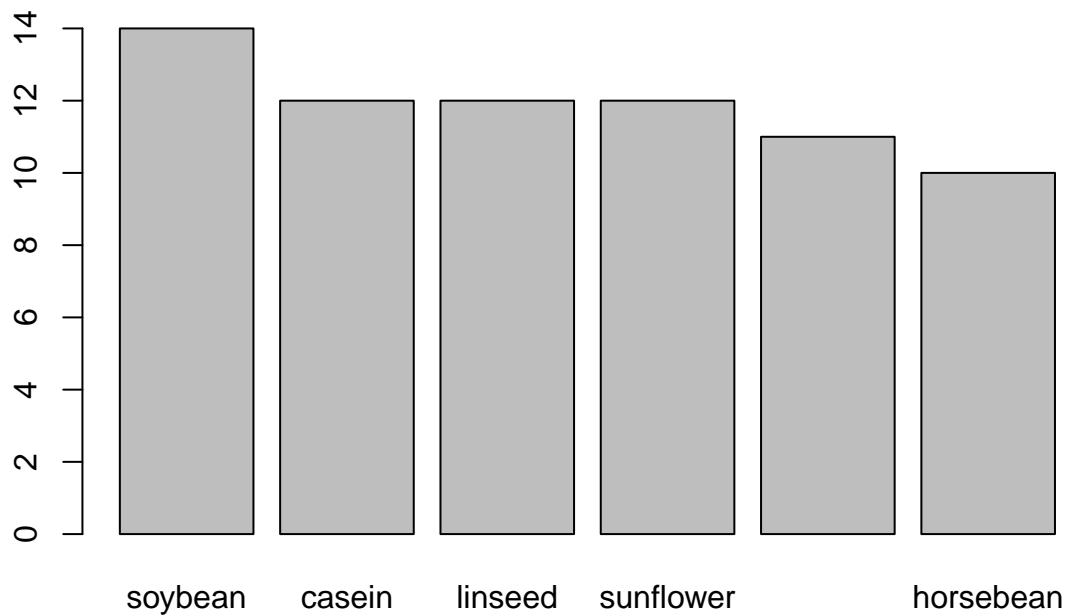
barplot(feeds)
```



```
barplot(feeds, col = c("#68838B", "#D1EEEE", "#F0FFFF"))
```



```
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", "#FOFFFO"),
        main = "Horas de sueño de las especies",
        xlab = "Número de horas",
        las = 1)
```

Horas de sueño de las especies

