

Laboratorio_semana-_3.R

acile

2023-02-23

```
#Angelica Torres García  
#22/02/2023  
#2173388
```

```
# LABORATORIO SEMANA 3
```

```
# PARTE 1 IMPORTAR DATOS -----
```

```
trees <- read.csv("DBH_1.csv",header = TRUE)
```

```
head(trees)
```

```
##   Trees  dbh  
## 1     1 16.5  
## 2     2 25.3  
## 3     3 22.1  
## 4     4 17.2  
## 5     5 16.1  
## 6     6  8.1
```

```
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, 1  
0, 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)  
library(repmis)  
prof_url <- ("http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/7635/1/accionesInspeccionfoanp.csv")  
profepa <- read.csv(prof_url, header = TRUE, encoding = "latin1")  
profepa
```

##	Entidad	Inspección	Recorrido	Operativo
## 1	Aguascalientes	7	5	1
## 2	Baja California	0	12	3
## 3	Baja California Sur	5	9	3
## 4	Campeche	1	4	3
## 5	Chiapas	3	11	0
## 6	Chihuahua	48	25	2
## 7	Coahuila	6	14	2
## 8	Colima	1	1	0
## 9	Durango	0	0	0
## 10	Guanajuato	1	0	0
## 11	Guerrero	2	3	0
## 12	Hidalgo	3	2	0
## 13	Jalisco	2	0	2
## 14	México	73	26	4
## 15	Michoacán	25	26	3
## 16	Morelos	27	19	6
## 17	Nayarit	0	15	7
## 18	Nuevo León	3	7	0
## 19	Oaxaca	0	2	0
## 20	Puebla	7	7	0
## 21	Querétaro	10	11	0
## 22	Quintana Roo	8	5	3
## 23	San Luis Potosí	0	2	3
## 24	Sinaloa	3	8	2
## 25	Sonora	0	0	1
## 26	Tabasco	0	6	1
## 27	Tamaulipas	0	0	0
## 28	Tlaxcala	61	27	6
## 29	Veracruz	16	10	3
## 30	Yucatán	1	3	2
## 31	Zacatecas	19	7	4
## 32	ZMM	49	10	2
## 33	Oficinas Centrales	157	695	24

```
mean(profepa$Inspección)
```

```
## [1] 16.30303
```

```
mean(profepa$Recorrido)
```

```
## [1] 29.45455
```

```
fivenum(profepa$Inspección)
```

```
## [1] 0 1 3 16 157
```

```
fivenum(profepa$Operativo)
```

```
## [1] 0 0 2 3 24
```

```
mayor.inc <- subset(profepa,profepa$Inspección>=16)
mayor.inc
```

##	Entidad	Inspección	Recorrido	Operativo
## 6	Chihuahua	48	25	2
## 14	México	73	26	4
## 15	Michoacán	25	26	3
## 16	Morelos	27	19	6
## 28	Tlaxcala	61	27	6
## 29	Veracruz	16	10	3
## 31	Zacatecas	19	7	4
## 32	ZMM	49	10	2
## 33	Oficinas Centrales	157	695	24

```
mayor.op <- subset(profepa, profepa$Inspección>=2)
mayor.op
```

##	Entidad	Inspección	Recorrido	Operativo
## 1	Aguascalientes	7	5	1
## 3	Baja California Sur	5	9	3
## 5	Chiapas	3	11	0
## 6	Chihuahua	48	25	2
## 7	Coahuila	6	14	2
## 11	Guerrero	2	3	0
## 12	Hidalgo	3	2	0
## 13	Jalisco	2	0	2
## 14	México	73	26	4
## 15	Michoacán	25	26	3
## 16	Morelos	27	19	6
## 18	Nuevo León	3	7	0
## 20	Puebla	7	7	0
## 21	Querétaro	10	11	0
## 22	Quintana Roo	8	5	3
## 24	Sinaloa	3	8	2
## 28	Tlaxcala	61	27	6
## 29	Veracruz	16	10	3
## 31	Zacatecas	19	7	4
## 32	ZMM	49	10	2
## 33	Oficinas Centrales	157	695	24

```
prof_url_2 <- source_data (paste0("http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/", "file/7635/1/accionesInspeccionfoanp.csv"))
```

```
## Downloading data from: http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/7635/1/accionesInspeccionf
oanp.csv
```

```
## SHA-1 hash of the downloaded data file is:
## 8056147d0bc75e3133a0a56c17a46cb0bebd8869
```

```
head(prof_url_2)
```

```
##          Entidad Inspecci\xf3n Recorrido Operativo
## 1    Aguascalientes          7          5          1
## 2    Baja California          0         12          3
## 3 Baja California Sur          5          9          3
## 4         Campeche           1          4          3
## 5         Chiapas            3         11          0
## 6         Chihuahua         48         25          2
```

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

```
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 × 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
```

```
# #PARTE 2. OPERACIONES CON LA BASE DE DATOS -----
```

```
#Media
```

```
#el signo de $ informa que necesitamos la columna dbh
```

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

```
## [1] 15.64333
```

```
#Desviación estandar
```

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

```
## [1] 7.448892
```

```
#Selección mediante restricciones
```

```
#Los condicionantes restrictivos más empleadas son:
```

```
#igual o mayor (>=), mayor que (>), igual que (==)
```

```
#igual o menor (<=), menor que (<), no igual (!=)
```

```
# Indica la sumatoria de los individuos en el objeto tree con un dbh < a 10
```

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

```
## [1] 8
```

```
#para saber cuales son los individuos que son inferiores al diámetro (dbh< 10 cm) se usa la función which
```

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

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

```
#Excluir los diámetros que se encuentran en la parcela 2. no tenemos esos datos en la tabla
```

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

```
## [1] Trees dbh
```

```
## <0 rows> (or 0-length row.names)
```

```
#Selección de una submuestra
```

```
#se puede obtener mediante la función subset
```

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

```
##    Trees dbh  
## 6      6 8.1  
## 8      8 5.4  
## 9      9 5.7  
## 13     13 7.7  
## 16     16 10.0  
## 19     19 7.8
```

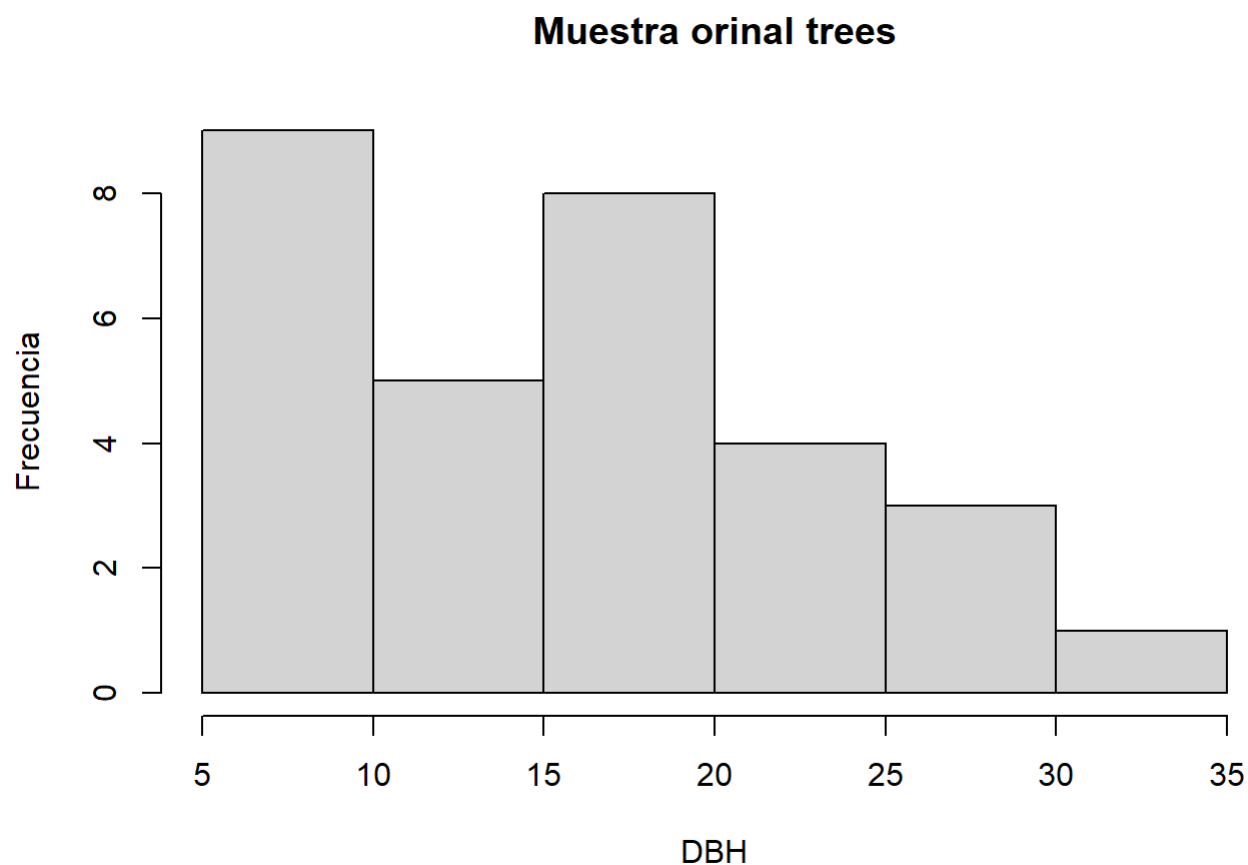
```
mean(trees$dbh)
```

```
## [1] 15.64333
```

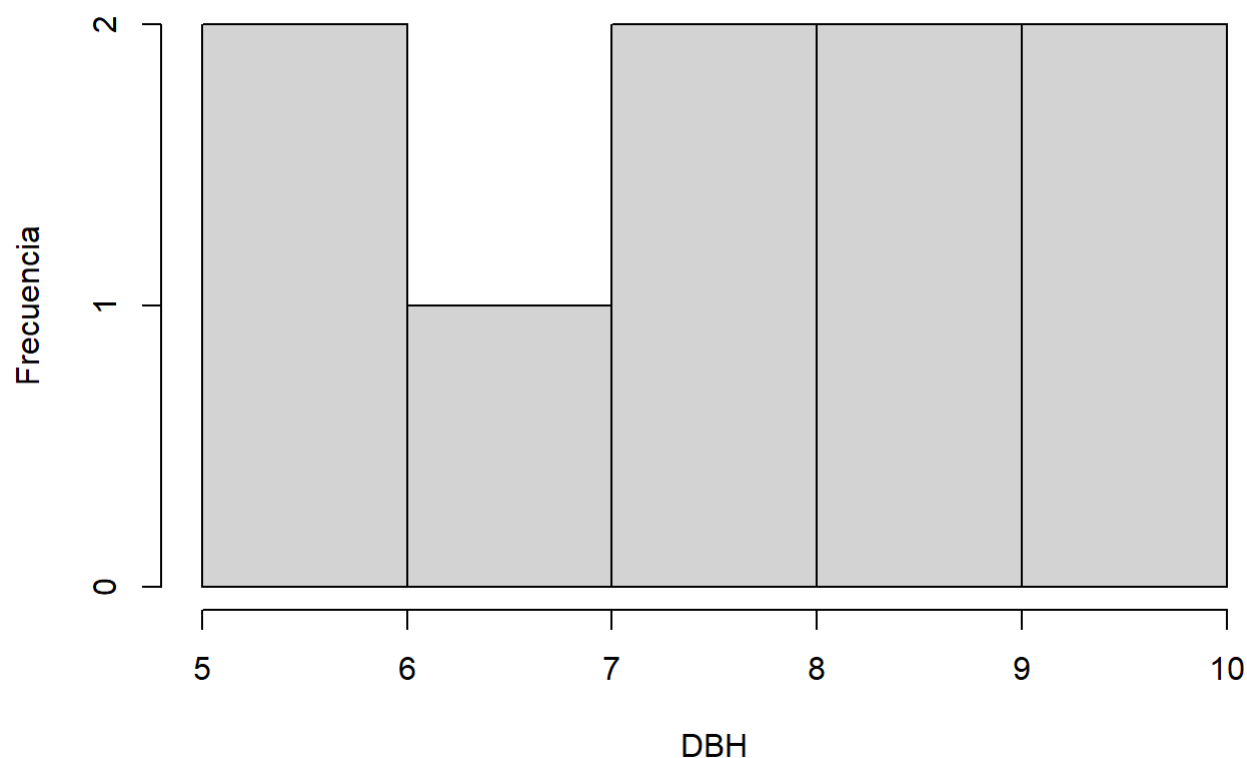
```
mean(trees.1$dbh)
```

```
## [1] 7.677778
```

```
hist(trees$dbh, ylab = "Frecuencia", xlab = "DBH", main = "Muestra orinal trees")
```



```
hist(trees.1$dbh, ylab = "Frecuencia", xlab = "DBH", main = "dbh < 10 cm. trees.1")
```

dbh < 10 cm. trees.1

PARTE 3. REPRESENTACIÓN GRAFICA -----

#HISTOGRAMAS

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

```
##           species  body_wt brain_wt non_dreaming dreaming total_sleep
## 1  Africanelephant 6654.000  5712.0          NA        NA          3.3
## 2 Africangiantpouchedrat  1.000    6.6          6.3        2.0          8.3
## 3      ArcticFox    3.385   44.5          NA        NA         12.5
## 4 Arcticgroundsquirrel  0.920    5.7          NA        NA         16.5
## 5   Asianelephant 2547.000  4603.0          2.1        1.8          3.9
## 6       Baboon   10.550   179.5          9.1        0.7          9.8
##  life_span gestation predation exposure danger
## 1    38.6      645        3         5         3
## 2     4.5       42        3         1         3
## 3    14.0       60        1         1         1
## 4     NA       25        5         2         3
## 5    69.0      624        3         5         4
## 6    27.0      180        4         4         4
```



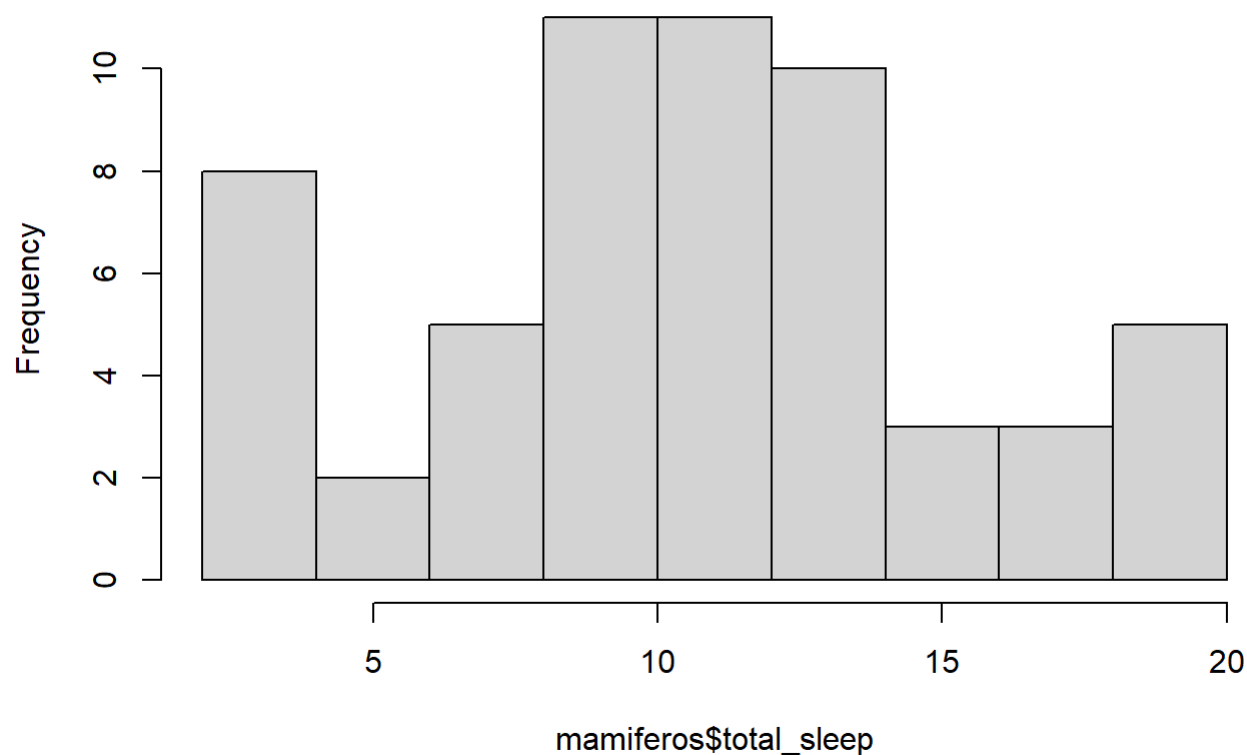
```
# Se trabajara con la variable total_sleep para generar el histograma:
```

```
hist(mamiferos$total_sleep)
```

```
#HISTOGRAMA PRESENTABLE
```

```
hist(mamiferos$total_sleep)
```

Histogram of mamiferos\$total_sleep



```
hist(mamiferos$total_sleep, #datos
```

```
      xlim = c(0,20), ylim = c(0,14), main = "Total de horas sueño de las 39 especies", #cambiar titulo
```

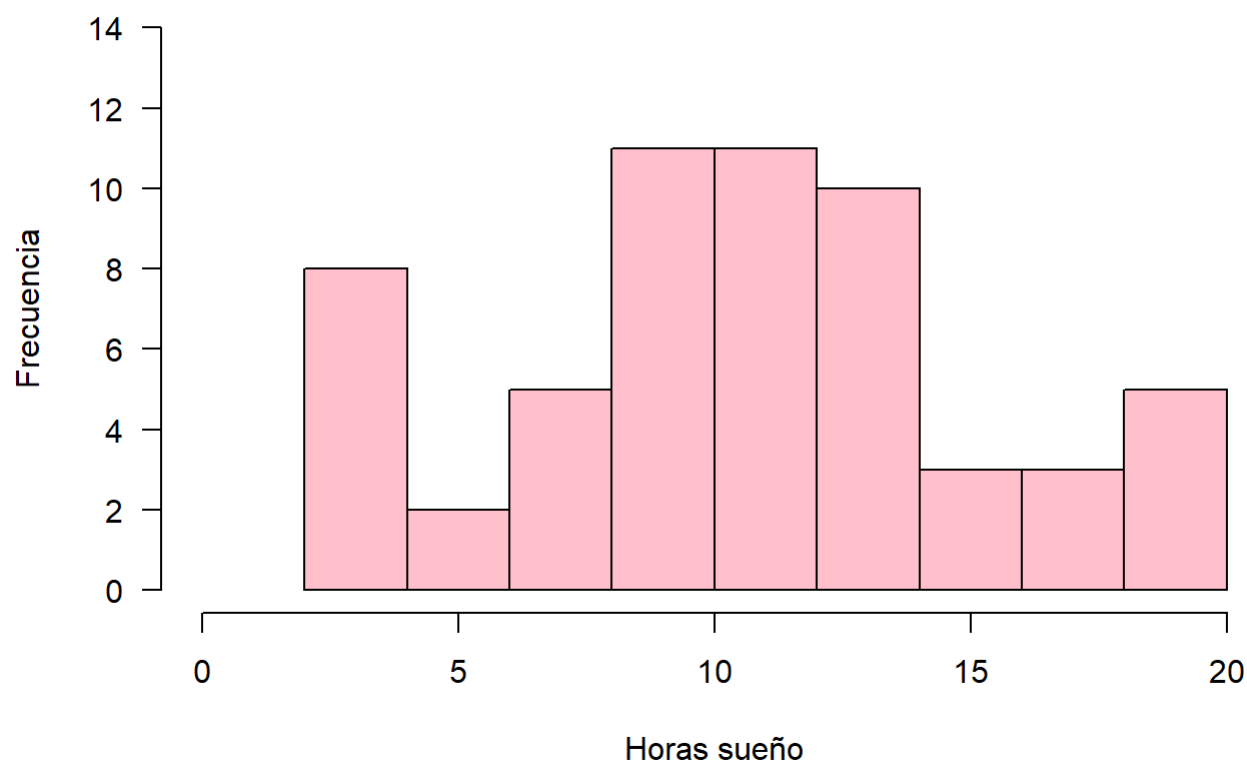
```
      xlab = "Horas sueño", #cambiar eje de las x
```

```
      ylab = "Frecuencia", #cambiar eje de las y
```

```
      las = 1, #cambiar orientacion de y
```

```
      col = "pink") #cambiar color a 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), ])
```

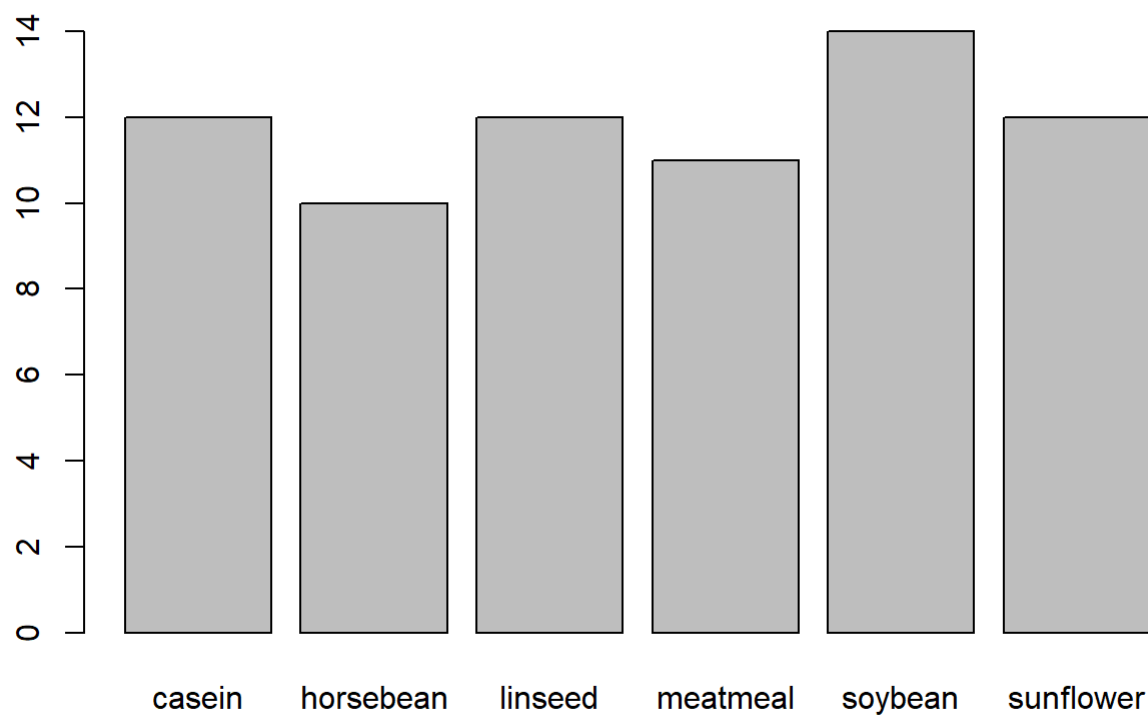
```
##      weight      feed
## 1      179 horsebean
## 2      160 horsebean
## 42     226 sunflower
## 43     320 sunflower
## 62     379  casein
## 63     260  casein
```

#Primeramente tendremos que acomodar los datos en columnas

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

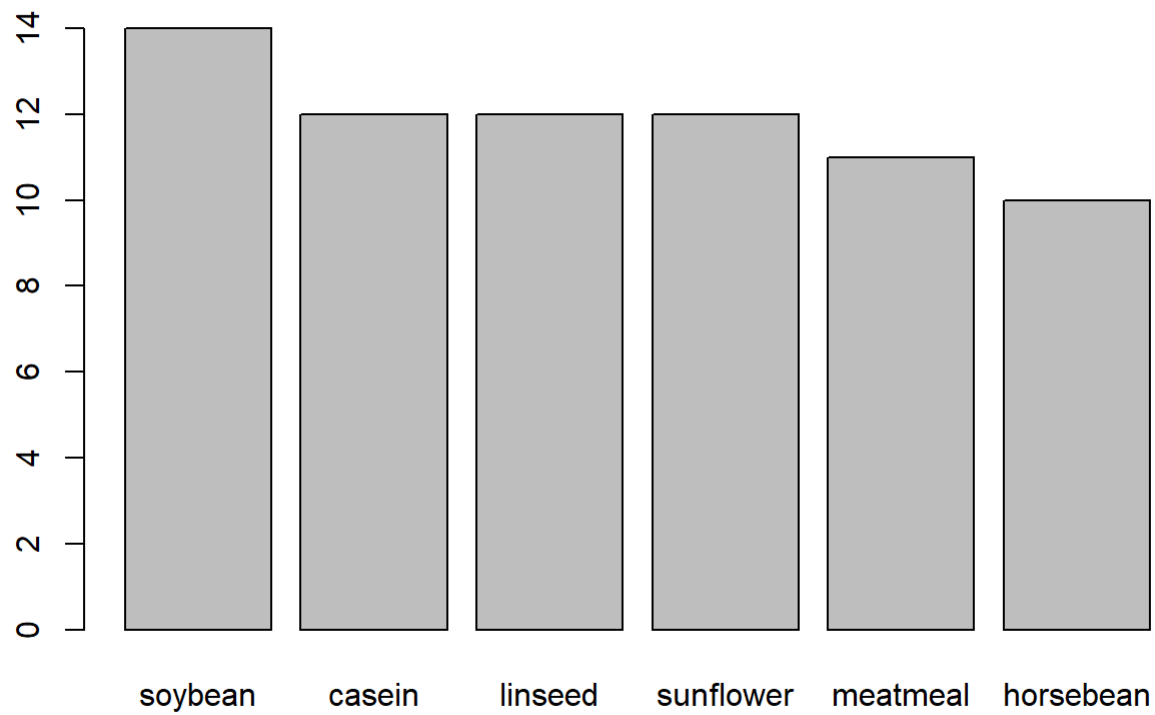
```
##
##      casein horsebean  linseed  meatmeal  soybean sunflower
##         12         10         12         11         14         12
```

```
barplot(feeds)
```



```
# para ordenar de forma decreciente
```

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



#Barplot presentable

```
barplot(feeds[order(feeds, decreasing = FALSE)], main = "frecuencia por tipo de alimentación",  
        xlab = "Numero de pollos",  
        las=1,  
        col= "orange",  
        horiz = TRUE)
```

frecuencia por tipo de alimentación

