

Modelos de estadística clásica: muestreos aleatorios

Armando Ocampo

Librerías de trabajo

Para esta clase necesitamos cargar las siguientes librerías

```
library(dplyr)
library(ggplot2)
```

Dudas de la clase previa

Recodificar NA's

Los NA's son valores faltantes o no disponibles, los cuales suelen representar un problema durante la transformación y procesamiento de los datos. Por lo cual, previo a realizar cualquier análisis o función sobre el dataset es necesario conocer el comportamiento de nuestros datos. Para esto utilizaremos la función *summary()* de la paquetería *base* (Esta paquetería se encuentra instalada por defecto en el lenguaje de programación R, por lo cual no es necesario instalarla).

Generaremos un data frame con valores NA.

```
dummy_data <- data.frame(id=c(1,2,3,4,NA),
                          horas_estudio=c(2, 5, 4, 2, 1),
                          horas_recre=c(4, 2, 4, 3, 1),
                          edad = c(20, 15, 16, 22, 20))
```

```
summary(dummy_data)
```

```
##           id      horas_estudio horas_recre      edad
##  Min.    :1.00    Min.    :1.0    Min.    :1.0    Min.    :15.0
## 1st Qu.:1.75    1st Qu.:2.0    1st Qu.:2.0    1st Qu.:16.0
##  Median :2.50    Median :2.0    Median :3.0    Median :20.0
##   Mean   :2.50    Mean   :2.8    Mean   :2.8    Mean   :18.6
## 3rd Qu.:3.25    3rd Qu.:4.0    3rd Qu.:4.0    3rd Qu.:20.0
##   Max.   :4.00    Max.    :5.0    Max.    :4.0    Max.    :22.0
##  NA's    :1
```

Además de algunas medidas de estadística descriptiva, esta función detalla si existen NA's en nuestro dataset. Otra manera de conocer si existen o no NA's es mediante la función *is.na()*. Esta generará como resultado TRUE, en el sitio donde encuentre un resultado faltante.

```
is.na(dummy_data)
```

```
##           id horas_estudio horas_recre edad
## [1,] FALSE          FALSE          FALSE FALSE
## [2,] FALSE          FALSE          FALSE FALSE
## [3,] FALSE          FALSE          FALSE FALSE
## [4,] FALSE          FALSE          FALSE FALSE
## [5,] TRUE           FALSE          FALSE FALSE
```

```
# podemos acompañarlo con la función sum(), para saber el total de NA's
sum(is.na(dummy_data))
```

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

```
# También, es posible utilizar la función which() para determinar el sitio
# en la columna donde se encuentra el NA. En este caso, conocemos que el NA
# se encuentra en la columna id, ahora identificaremos su posición
```

```
which(is.na(dummy_data$id))
```

```
## [1] 5
```

```
# Es así, como determinamos qué el valor faltante se encuentra en el quinto
# lugar de la columna id
```

Otra manera es utilizar la función `sapply()` acompañado de la función `sum()` para determinar el total de NA's por columna

```
sapply(dummy_data, function(y) sum(length(which(is.na(y)))))
```

```
##           id horas_estudio  horas_recre      edad
##           1             0           0          0
```

Estas son algunas maneras de identificar los valores faltantes. A continuación, se mostrarán algunos métodos para su eliminación.

El primer método es la recodificación, en el cual se le agrega un valor concreto al NA. Esto, al colocar la posición en la que se encuentra y renombrarla. En este caso, al ver la numeración, suponemos que el id faltante es el numero 5.

```
dummy_data$id[is.na(dummy_data$id)] = 5
dummy_data
```

```
##   id horas_estudio horas_recre edad
## 1  1             2           4   20
## 2  2             5           2   15
## 3  3             4           4   16
## 4  4             2           3   22
## 5  5             1           1   20
```

Vamos a generar de nuevo el valor NA. Sin embargo, en el siguiente ejemplo utilizaremos la función `na.omit()` para quitar el valor faltante. Esta función se caracteriza por eliminar la fila donde se encuentra el valor NA.

```
dummy_data <- data.frame(id=c(1,2,3,4,NA),
  horas_estudio=c(2, 5, 4, 2, 1),
  horas_recre=c(4, 2, 4, 3, 1),
  edad = c(20, 15, 16, 22, 20))
```

```
na.omit(dummy_data)
```

```
##   id horas_estudio horas_recre edad
## 1  1             2           4   20
## 2  2             5           2   15
## 3  3             4           4   16
## 4  4             2           3   22
```

Nota: `na.omit()` puede ser funcional si la recodificación no es posible. No obstante, hay que tener cuidado en no eliminar la mayor parte de la información. Esto lo veremos a continuación

Si tenemos varios NA a lo largo del dataset, *na.omit()* puede ser contraproducente. El siguiente ejemplo lo detalla.

```
dummy_data_2 <- data.frame(id=c(1,2,3,4,NA,6,7,8,9,10,11,12),
                           horas_estudio=c(NA,5,4,2,1,3,NA,2,4,3,5,NA),
                           horas_recre=c(9,NA,8,3,NA,8,5,6,8,NA,4,7),
                           edad = c(20,15,NA,22,NA,17,18,NA,18,20,18,15))

# contando NA's por columna
sapply(dummy_data_2, function(y) sum(length(which(is.na(y)))))
```

```
##          id horas_estudio  horas_recre      edad
##          1              3              3          3
```

Al aplicar la función *na.omit()* perdemos la mayor parte de la información

```
na.omit(dummy_data_2)

##    id horas_estudio horas_recre edad
## 4   4              2           3   22
## 6   6              3           8   17
## 9   9              4           8   18
## 11 11              5           4   18
```

Para este caso, podemos hacer dos maneras de recodificación. Colocar un 0 en todos los NA's, o definir un valor específico por columna.

```
dummy_data_2 <- data.frame(id=c(1,2,3,4,NA,6,7,8,9,10,11,12),
                           horas_estudio=c(NA,5,4,2,1,3,NA,2,4,3,5,NA),
                           horas_recre=c(9,NA,8,3,NA,8,5,6,8,NA,4,7),
                           edad = c(20,15,NA,22,NA,17,18,NA,18,20,18,15))

dummy_data_2[is.na(dummy_data_2)] = 0

dummy_data_2
```

```
##    id horas_estudio horas_recre edad
## 1   1              0           9   20
## 2   2              5           0   15
## 3   3              4           8    0
## 4   4              2           3   22
## 5   0              1           0    0
## 6   6              3           8   17
## 7   7              0           5   18
## 8   8              2           6    0
## 9   9              4           8   18
## 10 10              3           0   20
## 11 11              5           4   18
## 12 12              0           7   15
```

Para el segundo caso, colocaremos el valor de la media aritmética por columna para el proceso de recodificación.

```
dummy_data_2 <- data.frame(id=c(1,2,3,4,NA,6,7,8,9,10,11,12),
                           horas_estudio=c(NA,5,4,2,1,3,NA,2,4,3,5,NA),
                           horas_recre=c(9,NA,8,3,NA,8,5,6,8,NA,4,7),
                           edad = c(20,15,NA,22,NA,17,18,NA,18,20,18,15))

mean(dummy_data_2$horas_estudio, na.rm = TRUE)
```

```
## [1] 3.222222
dummy_data_2$horas_estudio[is.na(dummy_data_2$horas_estudio)]=2.4

mean(dummy_data_2$horas_recre, na.rm = TRUE)

## [1] 6.444444
dummy_data_2$horas_recre[is.na(dummy_data_2$horas_recre)] = 4.8

mean(dummy_data_2$edad, na.rm = TRUE)

## [1] 18.11111
dummy_data_2$edad[is.na(dummy_data_2$edad)] = 13

dummy_data_2
```

```
##      id horas_estudio horas_recre edad
## 1     1           2.4           9.0   20
## 2     2           5.0           4.8   15
## 3     3           4.0           8.0   13
## 4     4           2.0           3.0   22
## 5    NA           1.0           4.8   13
## 6     6           3.0           8.0   17
## 7     7           2.4           5.0   18
## 8     8           2.0           6.0   13
## 9     9           4.0           8.0   18
## 10    10          3.0           4.8   20
## 11    11          5.0           4.0   18
## 12    12          2.4           7.0   15
```

Nota: es posible combinar métodos de recodificación. Todo depende del objetivo de la limpieza del conjunto de datos

Identificando cuartiles

Los cuartiles dividen al conjunto de datos en 4 grupos, a partir de 3 puntos de corte. Primer cuartil (Q1, 25%), segundo cuartil (Q2, 50%), tercer cuartil (Q3, 75%). Derivado de esta información, podemos definir en que sitio se puede encontrar un dato nuevo. Los siguientes son solo ejemplo de cómo realizarlo, ya que pueden existir varias maneras de hacerlo.

Primero identificaremos los cuartiles de la longitud del sépalos del dataset iris

```
quantile(iris$Sepal.Length)

##      0%   25%   50%   75%  100%
##  4.3  5.1  5.8  6.4  7.9
```

La siguiente función genera un mensaje dependiendo del sitio en el cual se encuentra el nuevo valor

```
identificando_cuartiles <- function(x){
  if(x <= 5.1) print('debajo Q1')
  if(x > 5.1 & x <= 5.8) print('entre Q1 y Q2')
  if(x > 5.8 & x <= 6.4) print('entre Q2 y Q3')
  if(x > 6.4) print('superior a Q3')
}

identificando_cuartiles(6.5)
```

```
## [1] "superior a Q3"
```

La función `case_when()` de la paquetería `dplyr` permite generar condiciones similares a las utilizadas en la función `if()`. Cuando se utiliza en conjunto a la función `mutate()`, los resultados se guardan en una columna nueva.

```
iris_df <- iris

quantile(iris_df$Sepal.Length)

##    0%   25%   50%   75%  100%
##   4.3   5.1   5.8   6.4   7.9

iris_df_cuartil <- iris_df %>%
  mutate(cuartil = case_when(Sepal.Length <= 5.1 ~ '< Q1',
                             Sepal.Length > 5.1 & Sepal.Length <= 5.8 ~ 'Q1 & Q2',
                             Sepal.Length > 5.8 & Sepal.Length <= 6.4 ~ 'Q1 & Q3',
                             Sepal.Length > 6.4 ~ '> Q3'))

head(iris_df_cuartil)
```

```
##   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species cuartil
## 1         5.1         3.5         1.4         0.2   setosa    < Q1
## 2         4.9         3.0         1.4         0.2   setosa    < Q1
## 3         4.7         3.2         1.3         0.2   setosa    < Q1
## 4         4.6         3.1         1.5         0.2   setosa    < Q1
## 5         5.0         3.6         1.4         0.2   setosa    < Q1
## 6         5.4         3.9         1.7         0.4   setosa  Q1 & Q2
```

De esta manera, se puede colocar una variable nueva, pegarla al dataset y conocer en que cuartil se encuentra.

```
iris_df <- iris
iris_nueva <- c(5.222, NA, NA, NA, NA)

new_iris <- rbind(iris_nueva, iris_df)

head(new_iris %>%
  mutate(cuartil = case_when(Sepal.Length <= 5.1 ~ '< Q1',
                             Sepal.Length > 5.1 & Sepal.Length <= 5.8 ~ 'Q1 & Q2',
                             Sepal.Length > 5.8 & Sepal.Length <= 6.4 ~ 'Q1 & Q3',
                             Sepal.Length > 6.4 ~ '> Q3')), 1)
```

```
##   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species cuartil
## 1         5.222         NA         NA         NA    <NA>  Q1 & Q2
```

Muestreo

Cuando el conjunto de datos es grande y representa un elevado costo económico y de tiempo máquina se recomienda utilizar muestras. Estas deben de ser aleatorias y representativas. Los estadísticos obtenidos se pueden generalizar e inferir el comportamiento de la población. En R, existen dos funciones que permiten realizar este proceso, `sample()` y `slice_sample()`. La función `sample()` forma parte de la paquetería `base`, y se utiliza para encontrar muestras de vectores. Por su parte, la función `slice_sample()` pertenece a la paquetería `dplyr` y funciona para obtener muestras de data frames.

Nota: debido a que las muestras se realizan “al azar”, es necesario definir un parámetro que permita replicar los resultados cuando se trabaja en grupos o para verificar la información. Para esto, se utiliza la función `set.seed()` antes de comenzar a trabajar

En el siguiente ejemplo, se generará un vector con numeros del 1 al 100000. Posteriormente, se tomará una muestra de 20000 numeros. Dentro de la función `sample()`, se coloca como primer argumento el vector del cual se va a extraer la información y el segundo argumento indica el tamaño de la muestra.

```
set.seed(123)
vectorcito <- seq(1, 100000, by = 1)

vectorcito_muestra <- sample(vectorcito, size = 20000)

length(vectorcito_muestra)
```

```
## [1] 20000
```

Por su parte, `slice_sample()`, permite obtener una muestra de un data frame. El siguiente ejemplo extraerá 100 elementos al azar del conjunto de datos iris.

```
set.seed(123)
iris_muestra <- slice_sample(iris, n = 100)

summary(iris_muestra)
```

```
##   Sepal.Length   Sepal.Width   Petal.Length   Petal.Width
##   Min.    :4.300   Min.    :2.200   Min.    :1.000   Min.    :0.100
##   1st Qu.:5.100   1st Qu.:2.800   1st Qu.:1.600   1st Qu.:0.300
##   Median :5.800   Median :3.000   Median :4.500   Median :1.400
##   Mean   :5.847   Mean   :3.045   Mean   :3.796   Mean   :1.214
##   3rd Qu.:6.400   3rd Qu.:3.400   3rd Qu.:5.100   3rd Qu.:1.800
##   Max.    :7.900   Max.    :4.400   Max.    :6.900   Max.    :2.500
##      Species
##   setosa    :34
##   versicolor:29
##   virginica :37
##
##
##
```

```
summary(iris)
```

```
##   Sepal.Length   Sepal.Width   Petal.Length   Petal.Width
##   Min.    :4.300   Min.    :2.000   Min.    :1.000   Min.    :0.100
##   1st Qu.:5.100   1st Qu.:2.800   1st Qu.:1.600   1st Qu.:0.300
##   Median :5.800   Median :3.000   Median :4.350   Median :1.300
##   Mean   :5.843   Mean   :3.057   Mean   :3.758   Mean   :1.199
##   3rd Qu.:6.400   3rd Qu.:3.300   3rd Qu.:5.100   3rd Qu.:1.800
##   Max.    :7.900   Max.    :4.400   Max.    :6.900   Max.    :2.500
##      Species
##   setosa    :50
##   versicolor:50
##   virginica :50
##
##
##
```

Muestreo con reemplazo

Una variante del muestreo aleatorio es el muestreo con reemplazo o *bootstrapping*, en este cada elemento puede ser seleccionado más de una vez. Se suele utilizar cuando nuestra proporción de datos es pequeña, por

lo cual se busca enriquecer la información. Sin embargo, tiende a presentar un sesgo, ya que solo depende de nuestros datos de inicio. Para el muestreo con reemplazo se utilizan las funciones `sample()` y `slice_sample()`, solo que se agrega el argumento `replace = TRUE`. En el primer ejemplo generaremos un vector con números del 1 al 100 y se realizará un muestreo con reemplazo de 300 números

```
set.seed(123)
vector_2 <- seq(1,100, by = 1)
vector_boot <- sample(vector_2, size = 300, replace = TRUE)
length(vector_boot)
```

```
## [1] 300
```

Para el ejemplo de muestreo con reemplazo utilizando `slice_sample()`, se tomará de nuevo el dataset iris, generando una muestra de 300 elementos.

```
set.seed(123)

iris_boot <- slice_sample(iris, n = 300, replace = TRUE)

summary(iris_boot)
```

```
##      Sepal.Length      Sepal.Width      Petal.Length      Petal.Width
##  Min.       :4.300    Min.       :2.000    Min.       :1.000    Min.       :0.100
## 1st Qu.:5.075    1st Qu.:2.800    1st Qu.:1.600    1st Qu.:0.300
## Median :5.800    Median :3.000    Median :4.400    Median :1.300
## Mean   :5.836    Mean   :3.045    Mean   :3.786    Mean   :1.208
## 3rd Qu.:6.500    3rd Qu.:3.300    3rd Qu.:5.100    3rd Qu.:1.800
## Max.   :7.700    Max.   :4.400    Max.   :6.900    Max.   :2.500
##      Species
## setosa      : 98
## versicolor:102
## virginica   :100
##
##
##
```

Nota: en el muestreo sin reemplazo se genera una muestra a partir de la población. En el muestreo con reemplazo se desarrolla una población teórica derivado de la información de una muestra

Distribución probabilística

Define la probabilidad de que un evento ocurra. La suma de las posibilidades de un evento debe ser igual a 1. Se habla de distribución discreta cuando los eventos son números enteros (1,2,3,4). Por su parte, la distribución continua hace referencia a valores infinitos (1.1, 1.2, 1.3). Asimismo, en este proyecto hablaremos sobre dos tipos de distribuciones; uniforme y normal.

Distribución uniforme

En este tipo de probabilidad, todos los eventos tienen las mismas posibilidades de ocurrir, pongamos como ejemplo el lanzar un dado. Cada número tiene $1/6$ (~ 0.16) de probabilidad de ocurrir. Para conocer la probabilidad de cada evento dentro de la distribución uniforme se utiliza la función `punif()` de la paquetería *stats*. Esta paquetería se incluye dentro de los datos por defecto del lenguaje de programación, por lo que no se debe descargar nada.

En el siguiente ejemplo, se calculará cual es la probabilidad de que al lanzar un dado se obtenga un número menor a 5. Los argumentos son los siguientes. El primero describe el valor del evento que queremos conocer,

min se utiliza para definir el evento mínimo que puede ocurrir, en este caso, no lanzar el dado. Max, por su parte, es el valor máximo que puede presentarse, siendo 6.

```
punif(5, min = 0, max = 6)
```

```
## [1] 0.8333333
```

Si queremos conocer la probabilidad de que un evento ocurra cercano a la unidad se agrega el argumento `lower.tail = FALSE`. En el siguiente ejemplo calcularemos la probabilidad de obtener un número mayor a 5 al lanzar un dado.

```
punif(5, min = 0, max = 6, lower.tail = FALSE)
```

```
## [1] 0.1666667
```

Para rangos, se resta la probabilidad menor a la probabilidad mayor. En el siguiente ejemplo obtendremos la probabilidad de sacar un número entre 3 y 5 al lanzar un dado.

```
punif(5, min = 0, max = 6) - punif(3, min = 0, max = 6)
```

```
## [1] 0.3333333
```

Distribución normal

Por su parte, la distribución normal, no sigue un patrón uniforme. Existen diferentes eventos con posibilidades distintas. Al igual que la distribución uniforme el total de todos los eventos es igual a 1. Esta distribución se caracteriza por tener una forma de campana, la cual es simétrica. A su vez, se basa en la media aritmética y en la desviación estándar. Para calcular la distribución normal de un evento probabilístico se utiliza la función `pnorm()` de la paquetería *stats*. En el siguiente ejemplo se calculará la probabilidad de encontrar a una persona que mida menos de 154 cm dada una población con una media aritmética de 161 cm y una desviación estándar de 7 cm.

```
pnorm(154, mean = 161, sd = 7)
```

```
## [1] 0.1586553
```

De la misma manera, para conocer el otro extremo de la probabilidad se utiliza el argumento `lower.tail = FALSE`. En el siguiente ejemplo conoceremos la probabilidad de encontrar a una persona con una altura mayor a 154 cm.

```
pnorm(154, mean = 161, sd = 7, lower.tail = FALSE)
```

```
## [1] 0.8413447
```

Para intervalos se resta la probabilidad menor a la probabilidad mayor. Por ejemplo, encontrar la probabilidad de que una persona tenga una altura entre 154 y 157 cm.

```
pnorm(157, mean = 161, sd = 7) - pnorm(154, mean = 161, sd = 7)
```

```
## [1] 0.1251993
```

Asimismo, con la distribución normal es posible conocer el valor de cierta probabilidad. Por ejemplo, supongamos que nos piden conocer la estatura a la cual podría llegar el 90% de la población. Para esto, se utiliza la función `qnorm()`. Los argumentos son similares, solo que el primer argumento corresponderá a la probabilidad que se desea encontrar.

```
qnorm(0.9, mean = 161, sd = 7)
```

```
## [1] 169.9709
```

Si queremos conocer el valor contrario. Cual es la altura del 90% superior de la población se utiliza el argumento `lower.tail = FALSE`


```
qnorm(0.9, mean = 161, sd = 7, lower.tail =FALSE)
```

```
## [1] 152.0291
```

Nota: este proceso es similar a encontrar el restante a la unidad, o el 10%

```
qnorm(0.1, mean = 161, sd = 7)
```

```
## [1] 152.0291
```

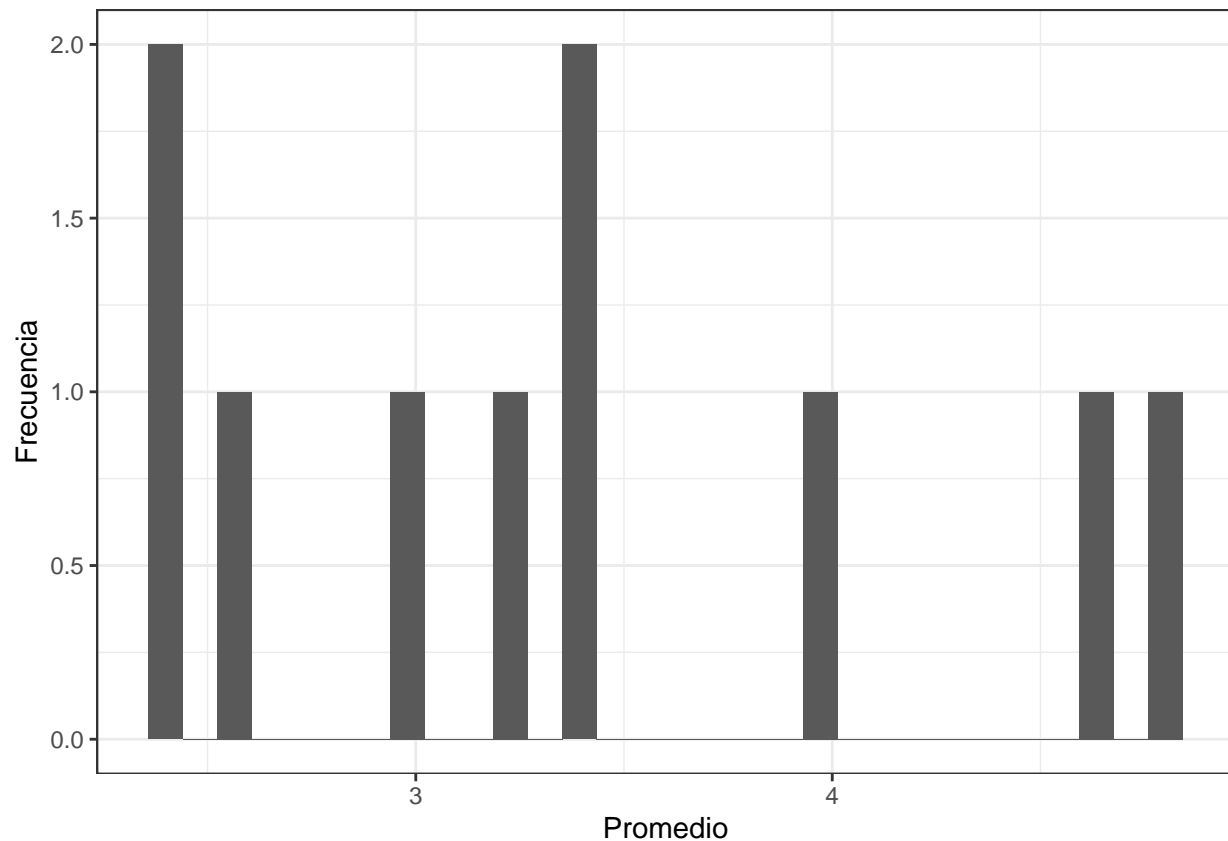
Teorema del límite central

Este teorema describe que la distribución probabilística de una muestra se acerca a una distribución normal en cuanto aumenta el número de experimentos. Como ejemplo, se generará un dado virtual, con valores del 1 al 6. Posteriormente, se simularán 5 lanzamientos con reemplazo y se obtendrá el valor promedio de estos 5 lanzamientos. Por último, se simulará este proceso 10, 100, 1000 y 10000 veces.

```
dado <- seq(1,6,1)
```

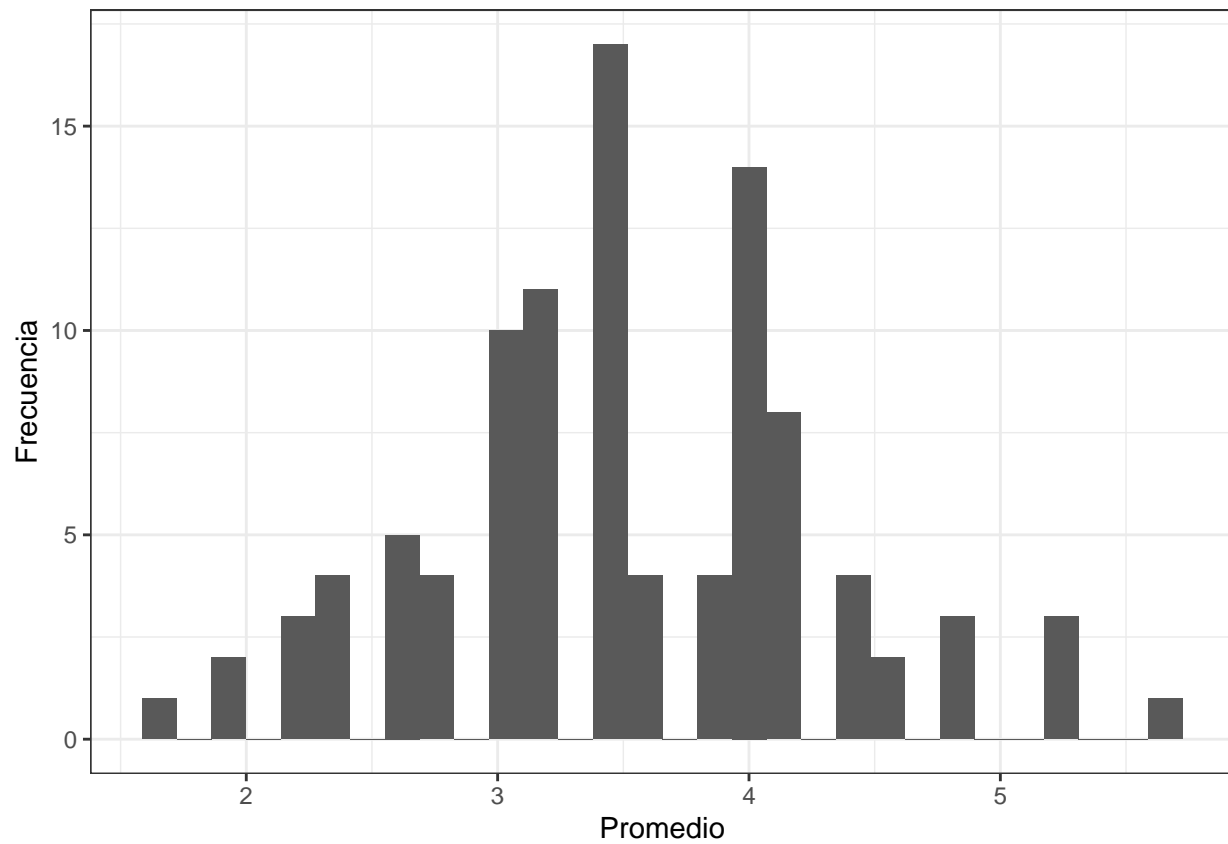
10 repeticiones

```
set.seed(123)
replicate(10, sample(dado, 5, replace = TRUE) %>%
  mean()) %>% as.data.frame() %>%
  ggplot(aes(x = .)) + geom_histogram() +
  theme_bw() + xlab('Promedio') + ylab('Frecuencia')
```



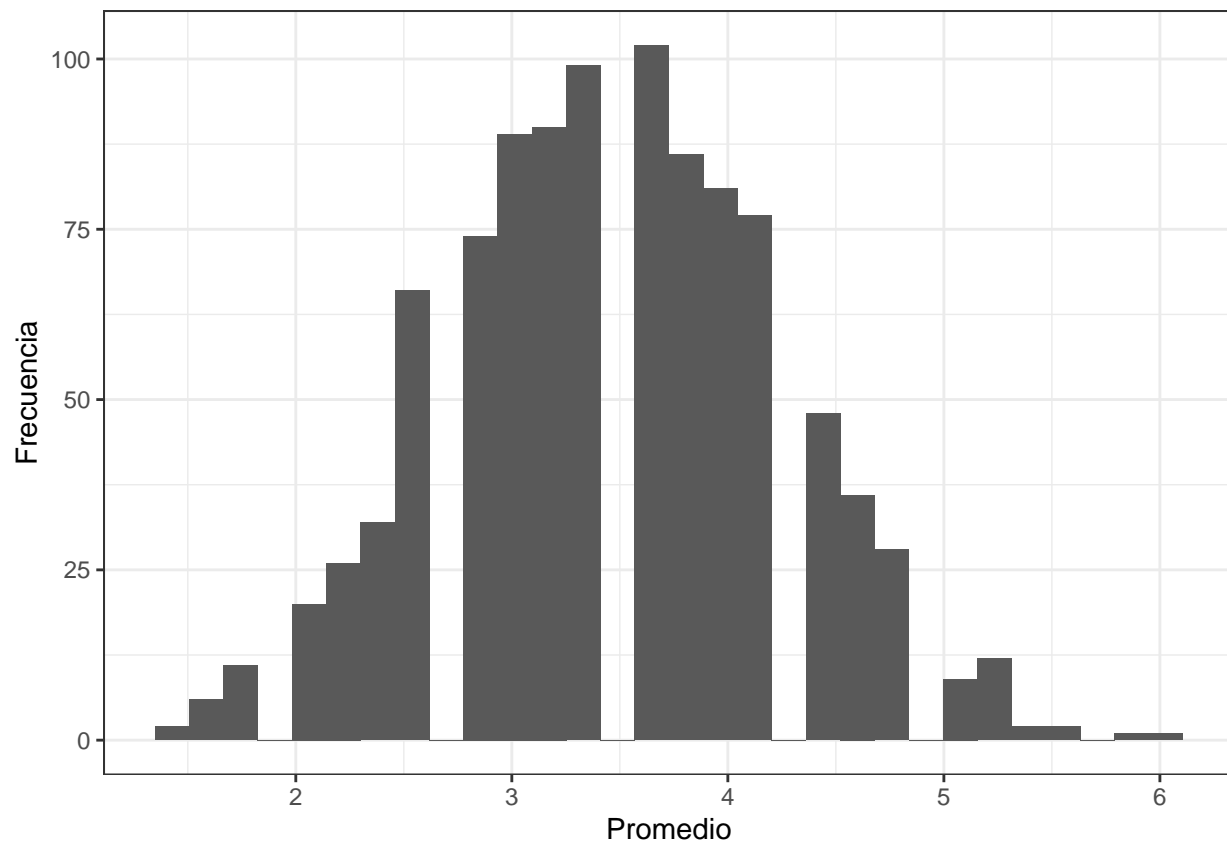
100 repeticiones

```
set.seed(123)
replicate(100, sample(dado, 5, replace = TRUE) %>%
  mean()) %>% as.data.frame() %>%
  ggplot(aes(x = .)) + geom_histogram() +
  theme_bw() + xlab('Promedio') + ylab('Frecuencia')
```



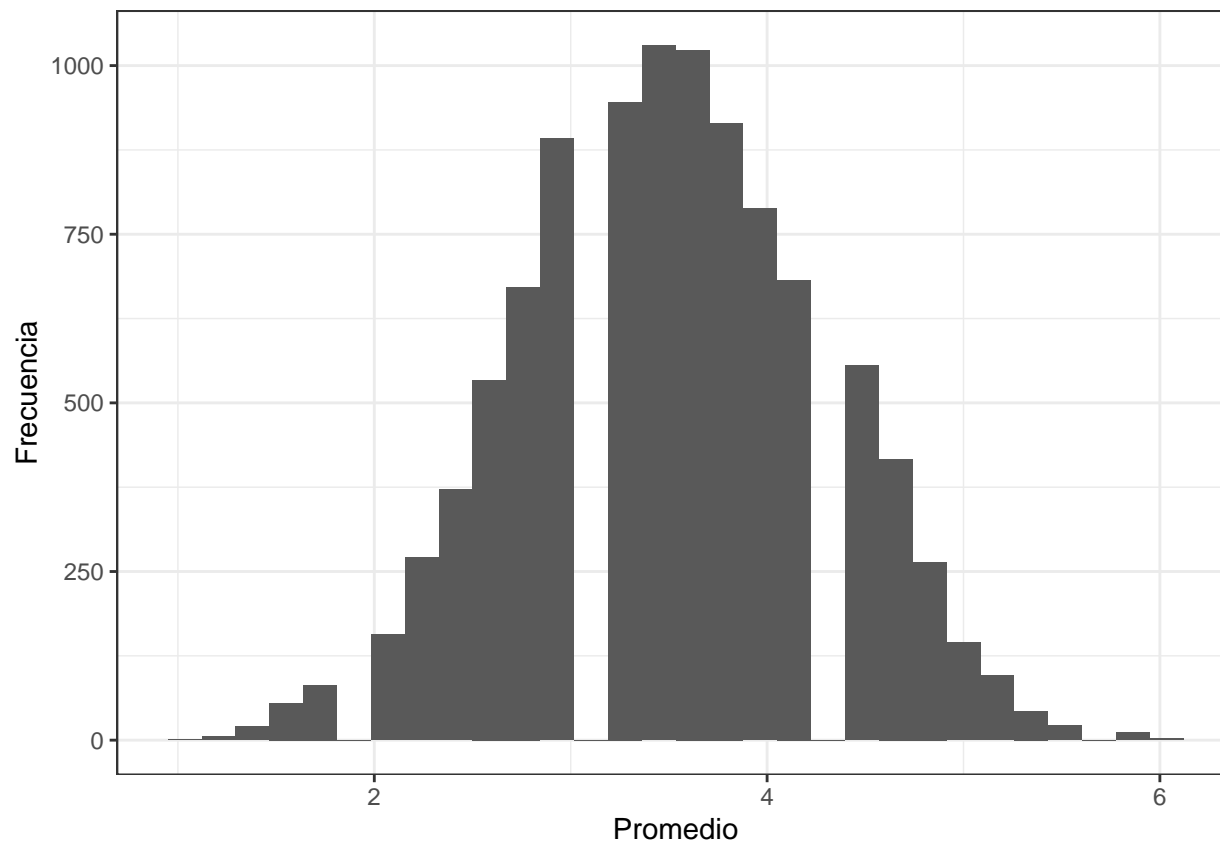
1000 repeticiones

```
set.seed(123)
replicate(1000, sample(dado, 5, replace = TRUE) %>%
  mean()) %>% as.data.frame() %>%
  ggplot(aes(x = .)) + geom_histogram() +
  theme_bw() + xlab('Promedio') + ylab('Frecuencia')
```



10000 repeticiones

```
set.seed(123)
replicate(10000, sample(dado, 5, replace = TRUE) %>%
  mean()) %>% as.data.frame() %>%
  ggplot(aes(x = .)) + geom_histogram() +
  theme_bw() + xlab('Promedio') + ylab('Frecuencia')
```



De esta manera, al aumentar el número de experimentos la distribución tiende a la normalidad.

Distribución binominal

La distribución binominal describe un evento con dos posibles resultados. Por ejemplo, la probabilidad de éxito o fracaso. O la probabilidad de obtener sol o águila al lanzar una moneda. En R se utiliza la función `rbinom()` de la paquetería `stats` para calcular esta distribución. Esta función toma como argumentos el número de observaciones, número de ensayos y probabilidad de éxito, en ese orden. Por ejemplo, se realizará un experimento, lanzando una moneda, la cual tiene 50% de probabilidad de caer águila (éxito) o sol (fracaso).

```
set.seed(123)
rbinom(1, 1, 0.5)
```

```
## [1] 0
```

El resultado es 0, o el equivalente al fracaso.

No obstante, podemos realizar varios experimentos a la vez, lanzando varias monedas por experimento. En el siguiente ejemplo se realizarán 7 observaciones, lanzando 5 monedas por observación.

```
set.seed(123)
rbinom(7, 5, 0.5)
```

```
## [1] 2 3 2 4 4 1 3
```

El resultado se traduce de la siguiente manera. En el primer experimento se generaron 3 eventos de éxito. Para el segundo, se obtuvieron 2 éxitos. En el tercero, 4 éxitos y así con cada elemento del vector.

La probabilidad de éxito puede ser modificada, dando como resultado que un evento tenga mayor probabilidad de ocurrir. En el siguiente ejemplo, se realizaran 10 observaciones, con 1 ensayo cada una, teniendo una tasa

de éxito del 30%

```
set.seed(123)
rbinom(10, 1, 0.3)
```

```
## [1] 0 1 0 1 1 0 0 1 0 0
```

De esta manera, se obtuvieron solo 4 eventos de éxito.

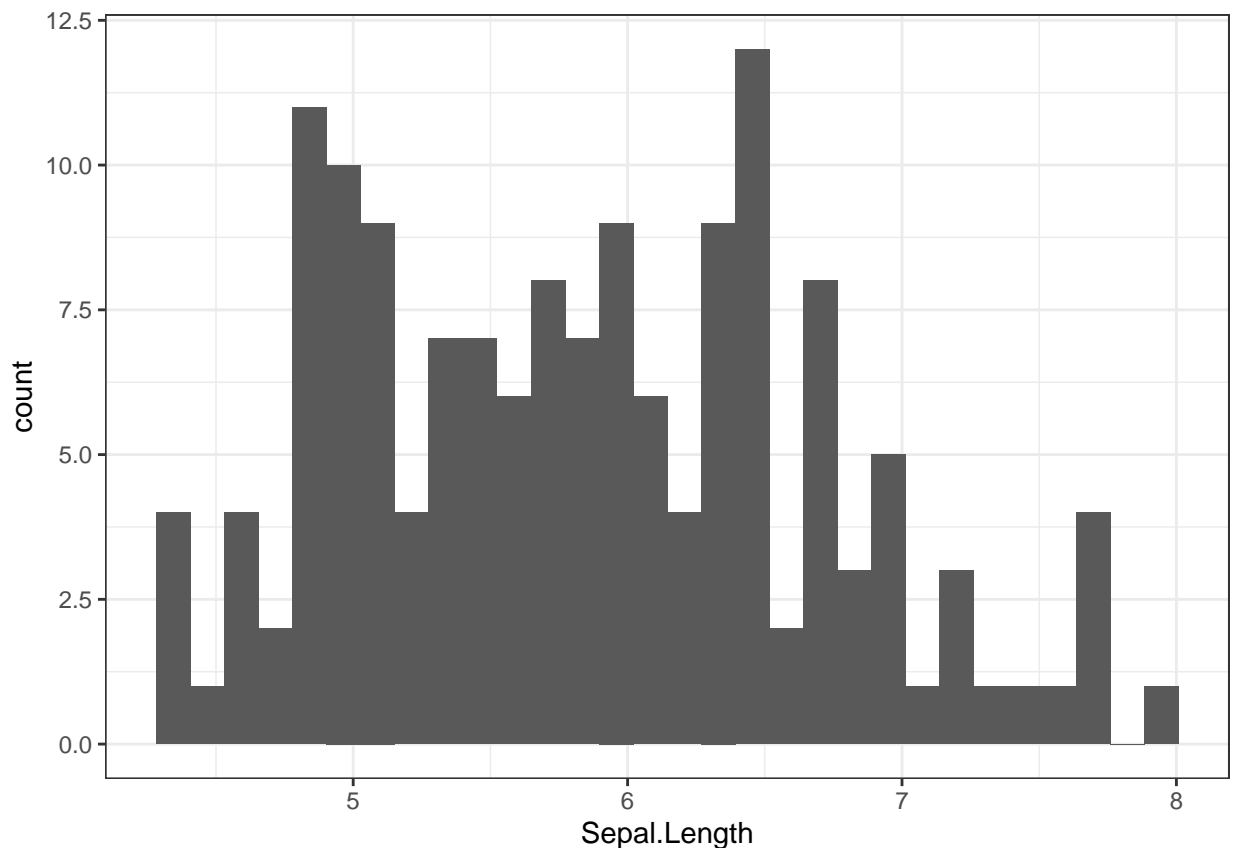
¿Cómo sé que distribución seguir?

Antes de aplicar cualquier modelo de distribución debemos realizarnos las siguientes preguntas. ¿Cuántos resultados posibles tenemos? ¿Todas las respuestas tienen la misma probabilidad de ocurrir? ¿Cómo se distribuyen los datos?

Esta última pregunta se suele responder al graficar la información, por lo general se suele utilizar un histograma o un gráfico de área. Los siguientes ejemplos muestran la distribución de los datos del dataset iris.

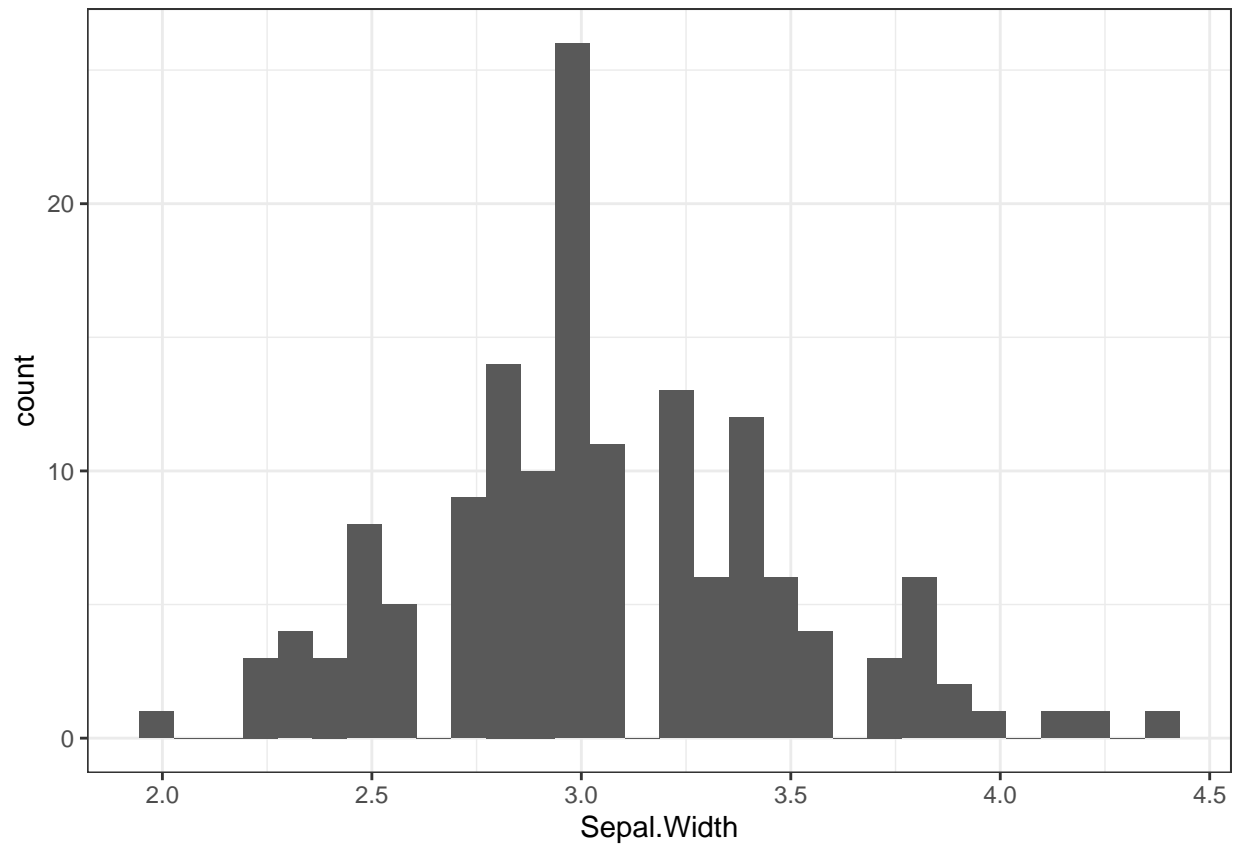
Histograma de longitud de sépalo

```
ggplot(iris, aes(Sepal.Length)) +
  geom_histogram() +
  theme_bw()
```



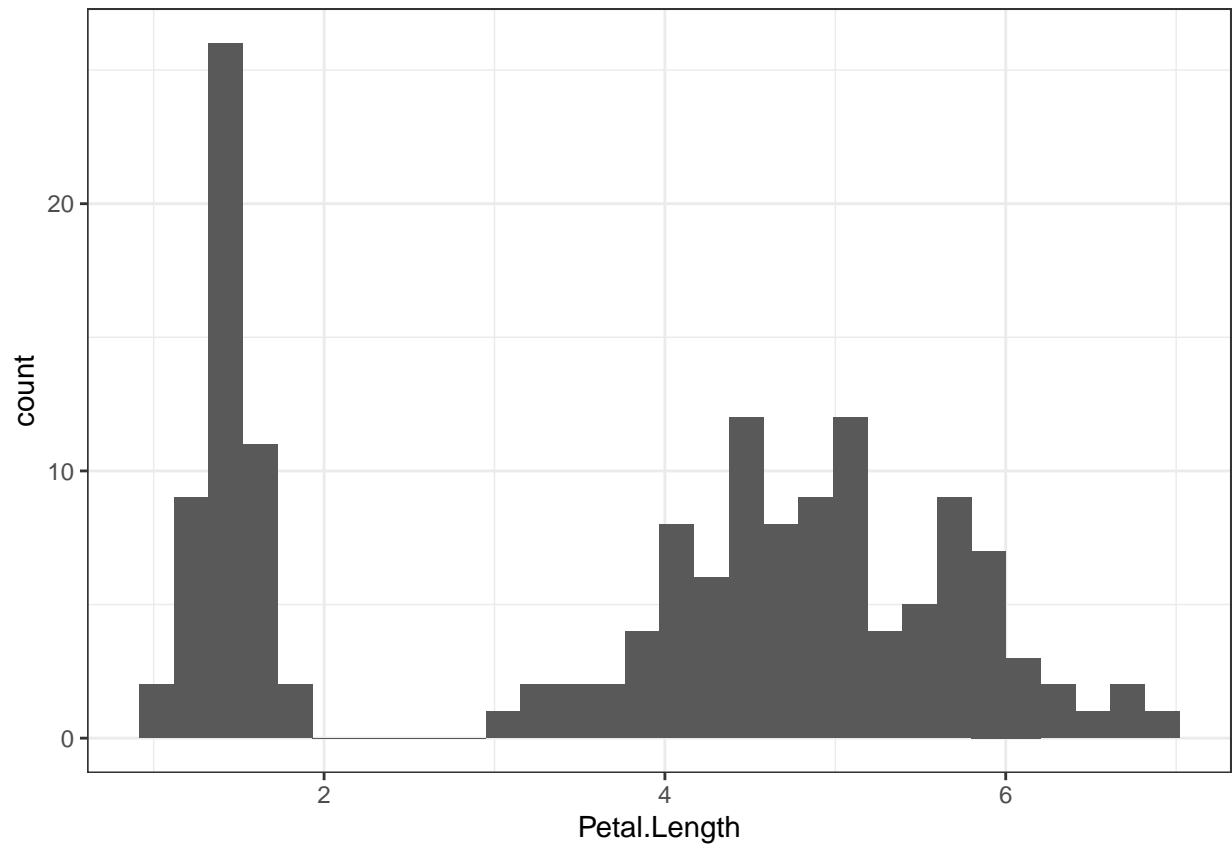
Histograma ancho de sépalo

```
ggplot(iris, aes(Sepal.Width)) +
  geom_histogram() +
  theme_bw()
```



Histograma largo de pétalo

```
ggplot(iris, aes(Petal.Length)) +  
  geom_histogram() +  
  theme_bw()
```



Histograma ancho de pétalo

```
ggplot(iris, aes(Petal.Width)) +  
  geom_histogram() +  
  theme_bw()
```

