

### Descripción del curso

 Este curso corresponde a una introducción al uso de la herramienta R, con énfasis en el análisis de datos químicos en base a conceptos básicos tanto del programa, lenguaje, la estadística y gráficos que informen de manera adecuada los resultados obtenidos.

### Objetivos

- 1. Conocer el programa R y sus diferentes ambientes.
- 2. Lograr importar diversos tipos de bases de datos, proveniente de diferentes equipos.
- 3. Comparar dos o más procesos.
- Generar gráficos que informen de manera más óptima los resultados obtenidos.
- 5. Conocer métodos de calibración multivariada.
- 6. Realizar control de calidad utilizando el programa R.

### Material del curso.

• R Studio Cloud:

Se compartirá todo el proyecto realizado en la clases.

Github:

https://github.com/CristobalHonores/Analisis-de-datosquimicos-con-R

### Propósito de esta clase.

Aprender las bases de programación para pode realizar un buen análisis de diferentes base de datos utilizando el programa R.

# Introducción a R, Estadística descriptiva y visualización de datos.

- 1. Introducción a R, R Studio y R Studio Cloud.
- 2. Objetos y estructuras básicas de R.
- 3. Importar bases de datos.
- 4. Selección de filas y columnas.
- 5. Crear filtros.
- 6. Recodificar bases de datos.
- 7. Paquete: dplyr

### ¿Qué es R?

R es un entorno de software libre para computación estadística y gráficos.



### ¿Por qué usar R?

- Es un lenguaje que permite manipular los datos rápidamente y de forma precisa.
- 2. Puede leer prácticamente cualquier tipo de datos.
- 3. Tiene capacidades avanzadas de gráficos.
- 4. Se puede automatizar fácilmente.
- 5. Es gratuito.

### ¿Dónde se baja R?

#### Microsoft Windows:

http://cran.r-project.org/bin/windows/base/

#### • *OSX*:

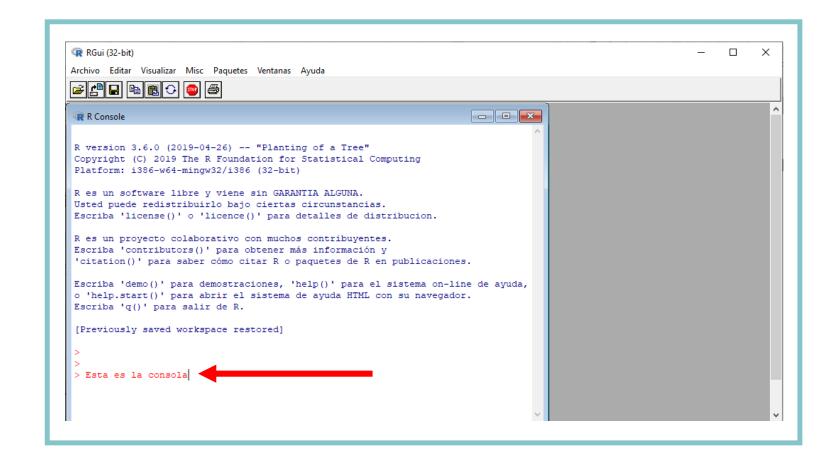
http://cran.r-project.org/bin/macosx/

#### • Linux:

http://cran.r-project.org/bin/linux/

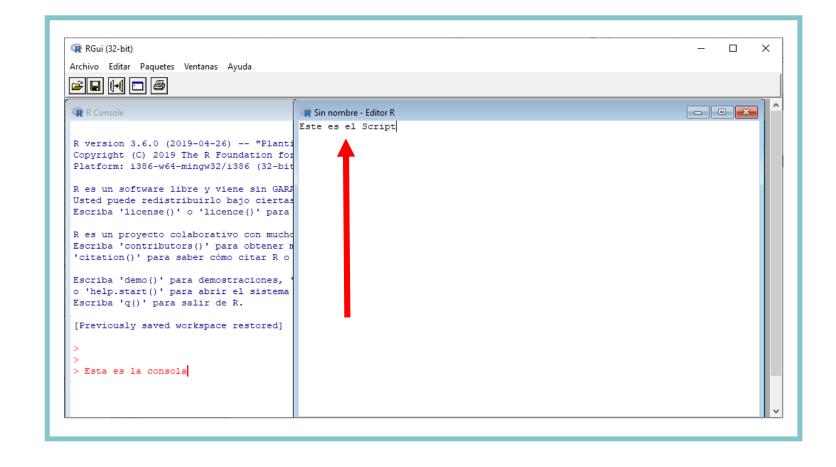
#### La consola:

Es donde se ejecutan todos los comandos y códigos.



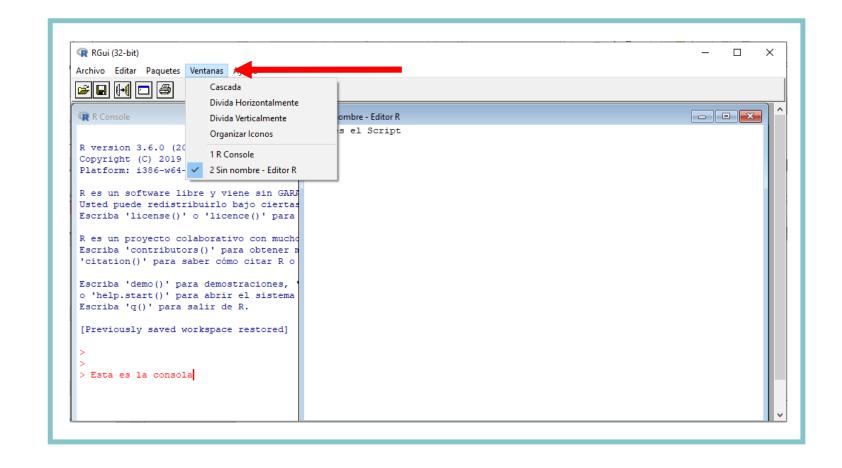
#### El Script:

Aquí se escriben los códigos d manera mas ordenado.

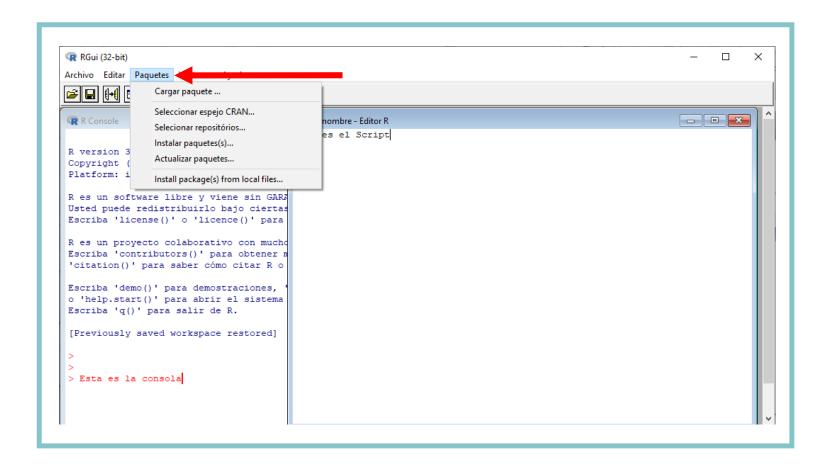


## Organizar ventanas:

Muestra todas las ventanas que uno tenga abiertas. (Consola, Scripts, gráficos, etc.)



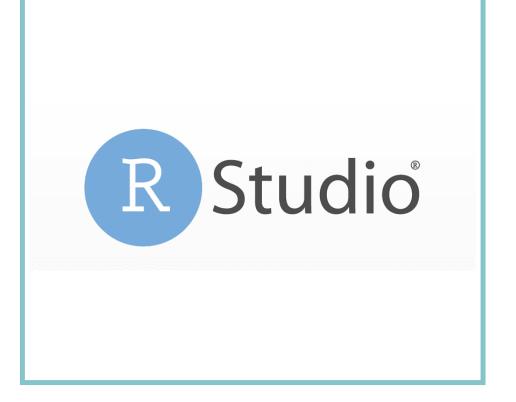
### Cargar paquetes



### R Studio

• Un programa que mejora la interfaz de R.

• Funciona con los mismos comandos de R.

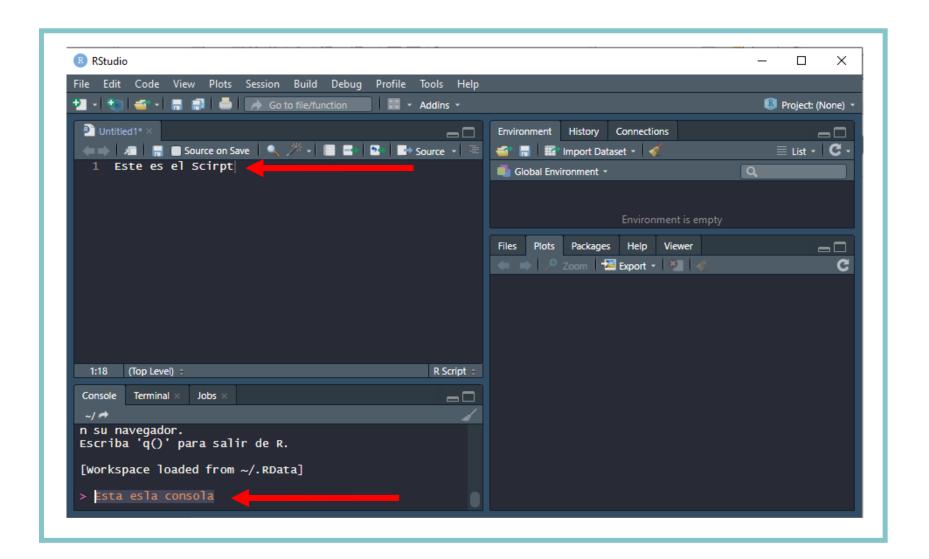


### Bajar R Studio

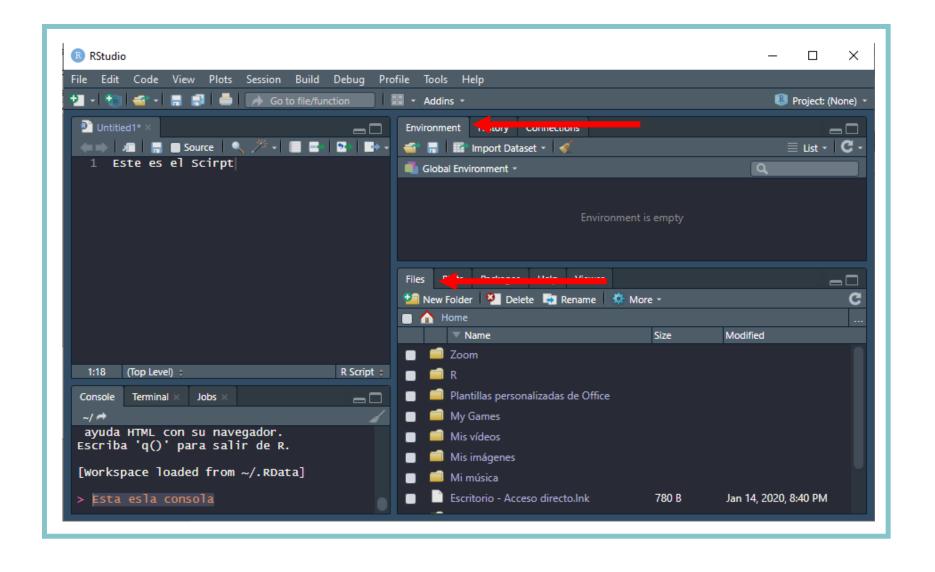
Una vez instalado R, puede instalar R Studio desde:

https://www.rstudio.com/products/rstudio/downloa d/

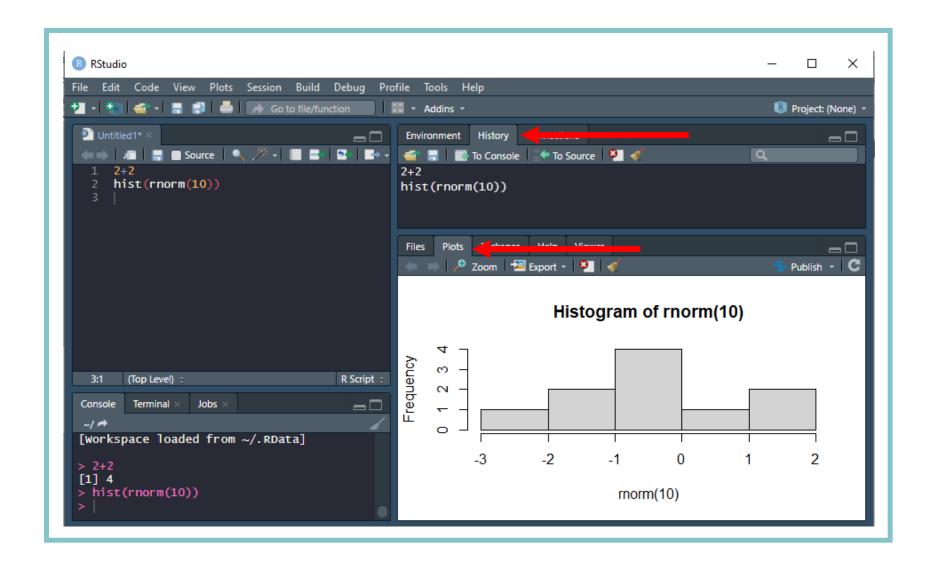
### R vs R Studio



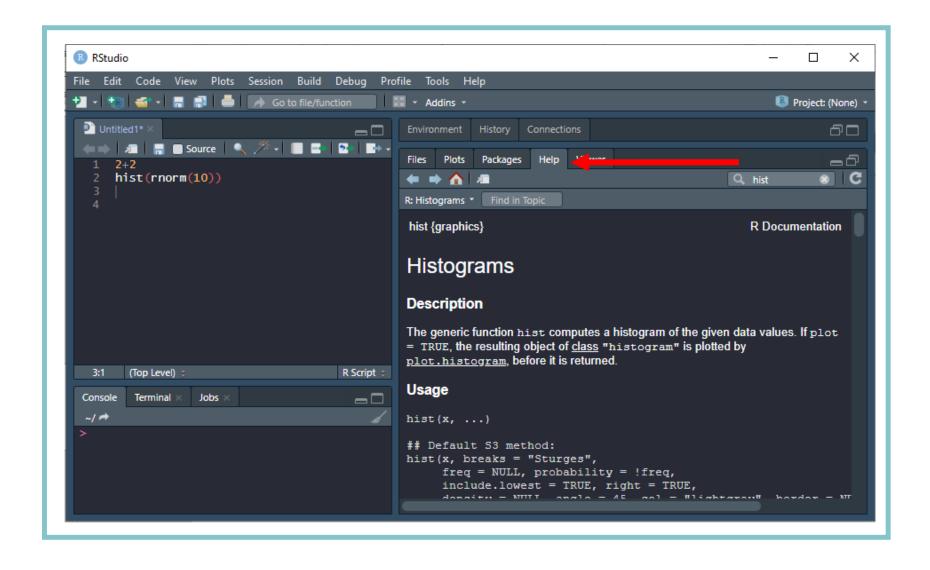
#### **R VS R Studio**



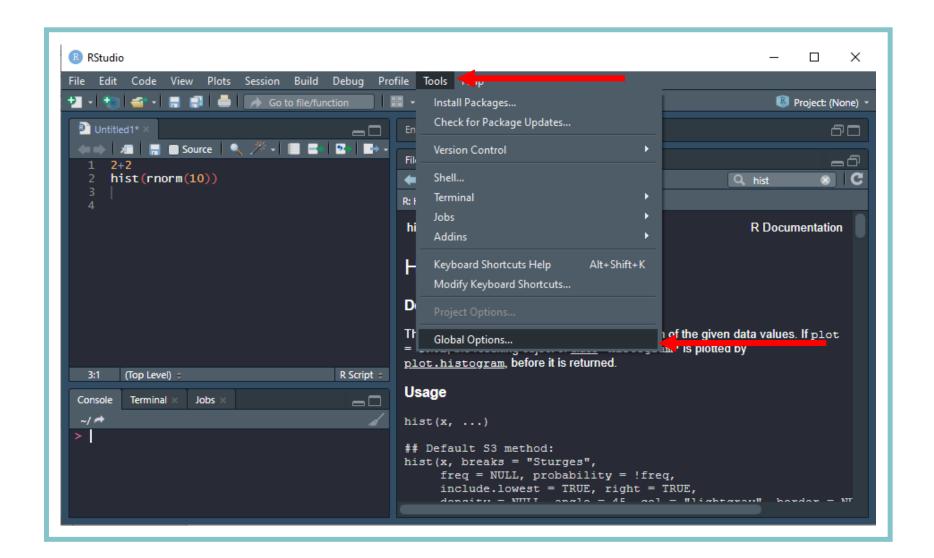
#### **R VS R Studio**

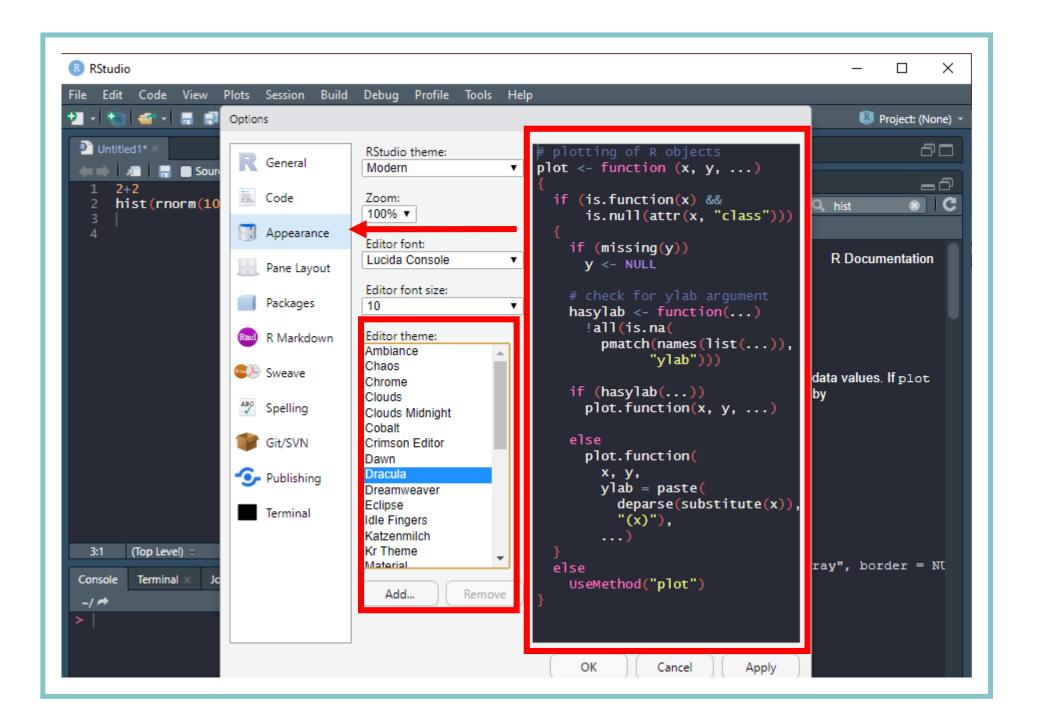


#### **R VS R Studio**

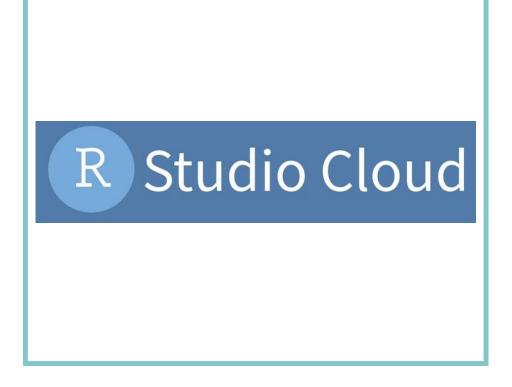


### Cambiar el tema Studio





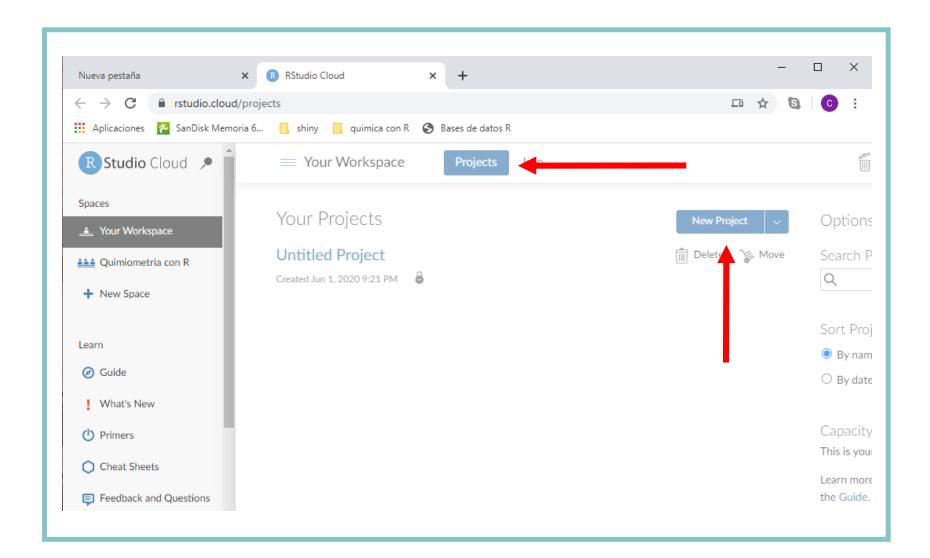
R Cloud es una plataforma digital donde se puede utilizar R Studio de manera digital.

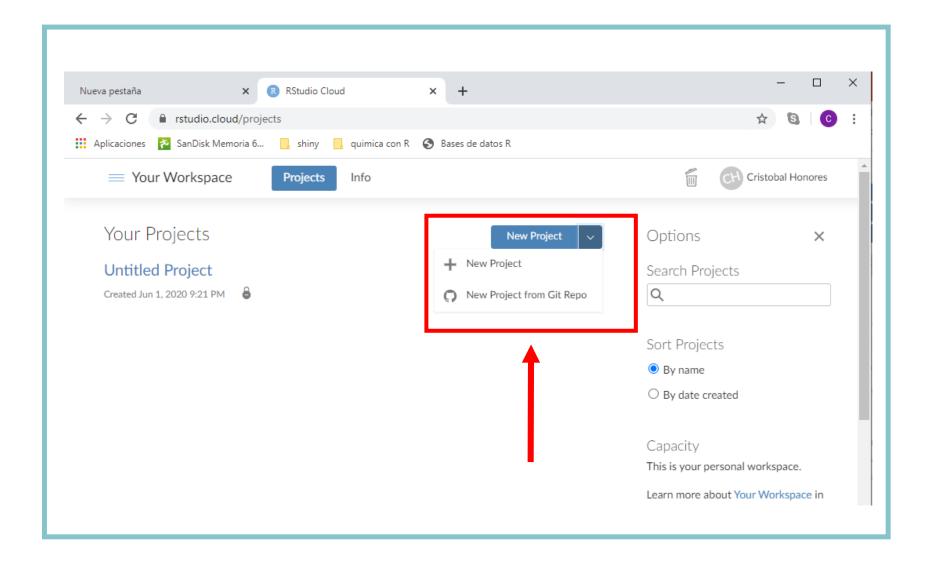


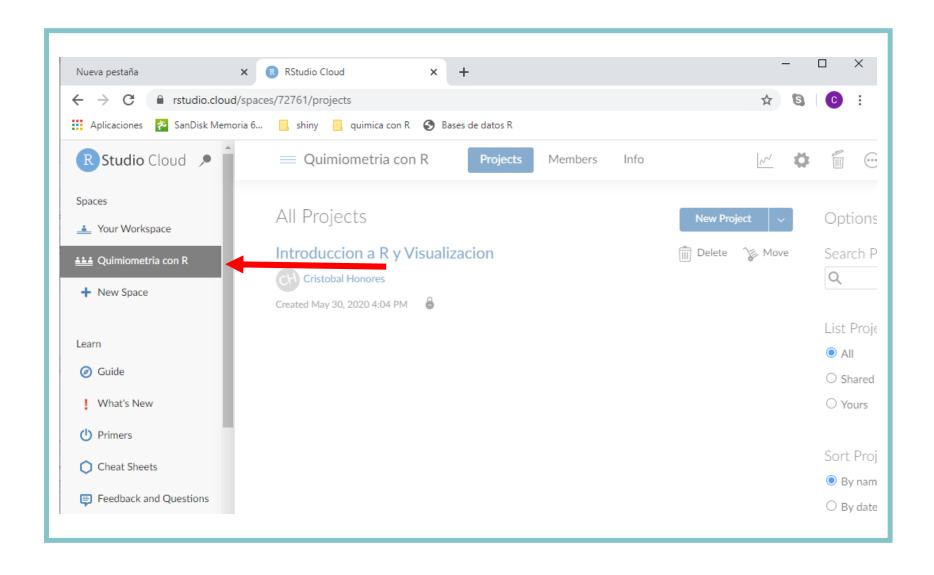
https://rstudio.cloud/

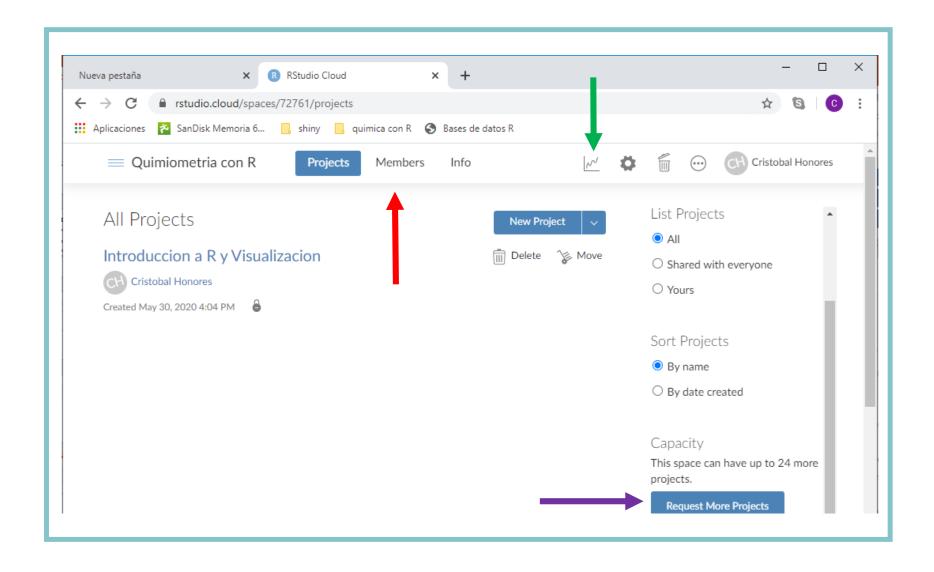
### Ventajas de R Cloud

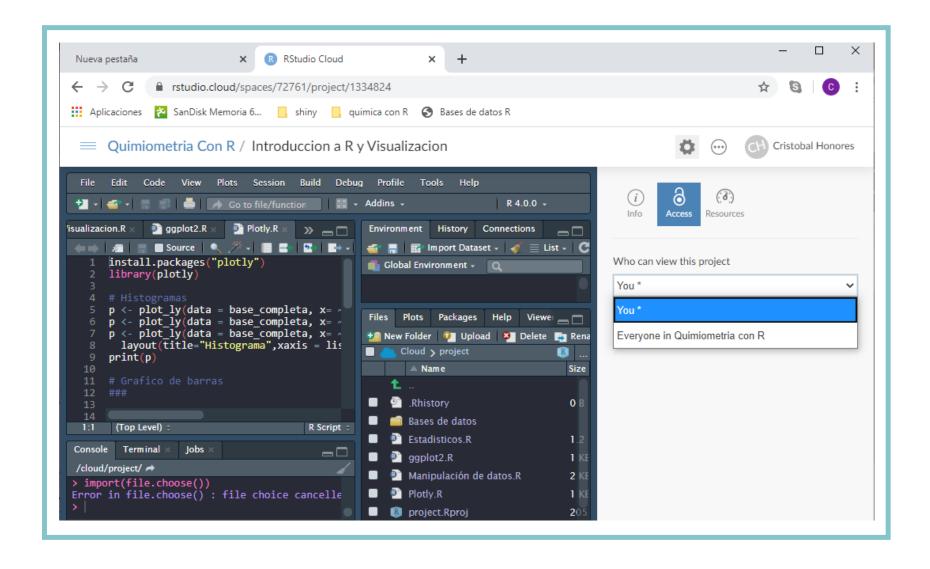
- No es necesario instalar ningún programa.
- Es gratis.
- Se puede compartir proyectos y script de manera fácil.
- Se guarda de manera automática en la cuenta.
- Puede utilizarse de cualquier computador.
- Fácil de usar.











### Funciones básicas

# En R se pueden hacer diversas operaciones usando operadores binarios (entre dos objetos).

- operador binario para sumar.
- operador binario para restar.
- \* operador binario para multiplicar.
- / operador binario para dividir.
- operador binario para potencia.

### Objetos

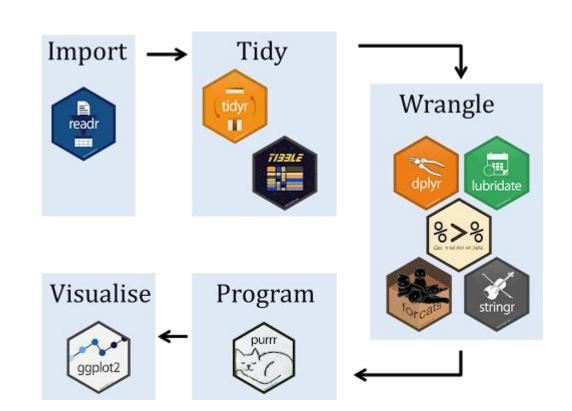
Un objeto es la manera simplificada que tiene R para trabajar con bases de datos, marcos de datos, vectores, funciones, matrices, etc.

Para asignar un objeto se hace de la siguiente manera:

Para remover un objeto se ocupa la siguiente función:

### Paquetes

Los paquetes son colecciones de funciones R, datos y código compilado en un formato bien definido.



### Repositorios

• <u>CRAN</u>: El repositorio oficial es una red de servidores mantenidos por la comunidad R.

• <u>Bioconductor</u>: Este es un repositorio específico del tema, destinado al software de código abierto para bioinformática.

 <u>Github</u>: Aunque esto no es específico de R, Github es probablemente el repositorio más popular para proyectos de código abierto.

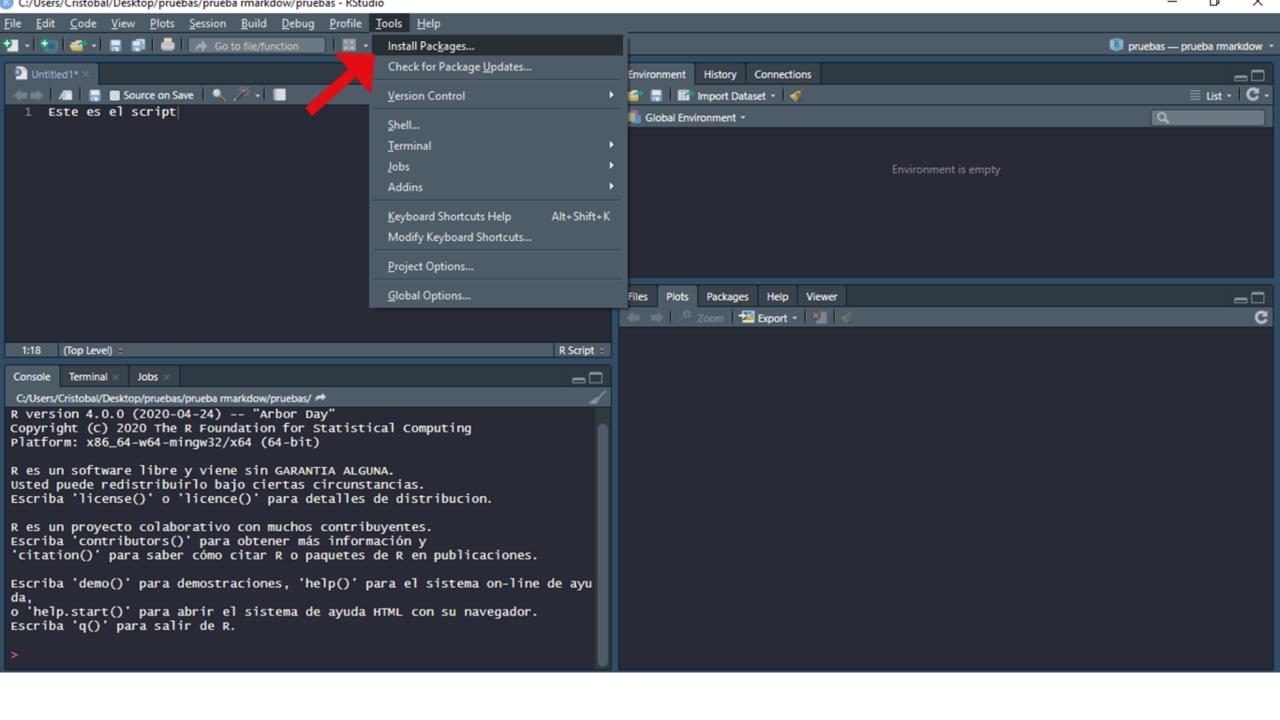
### ¿Cómo instalar paquetes?

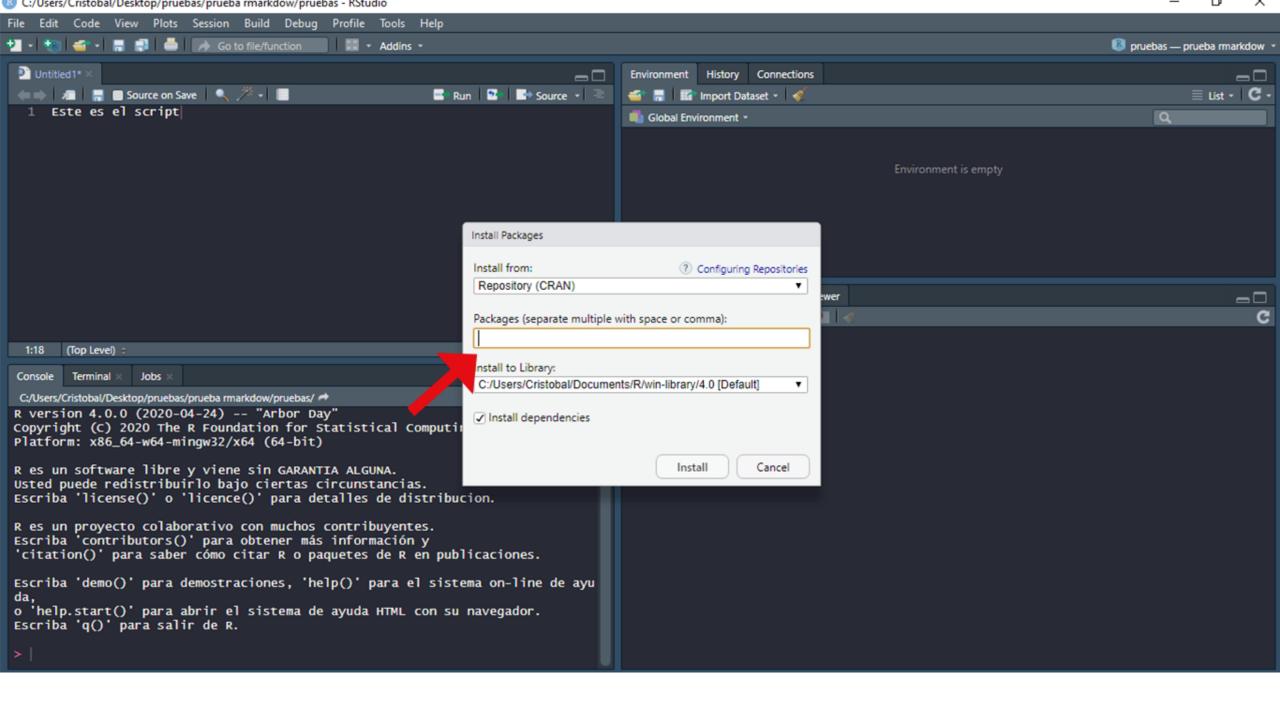
Para instalar paquetes desde CRAN es necesario utilizar la función:

install.packages("paquete")

También es posible instalar mas de in paquete a la vez:

install.packages(c("paquete1","paquete2",...))





### Cargar paquetes

Una vez instalados los paquetes es necesario cargarlos, para eso se utiliza la siguiente función.

#### library(paquete)

Los paquetes tienen que cargarse cada vez que se abre la sesión de R, sin embargo, se instalan solo una vez.

# Tipos de paquetes



## Bases de datos

• R trae muchas bases de datos de practica.

 Algunos paquetes también traen bases de datos de practica.

https://vincentarelbundock.github.io/Rdatasets/datasets.html

Existen diferentes funciones para importar bases de datos en diferentes formatos en R:

- read.table(): Importa Base de Datos en formato TXT, DAT y CSV.
- read.csv2(): Importa Base de Datos en formato CSV.
- **readXL():** Importa Base de Datos en formato XLS y XLSX. (paquete "readxl").
- import(): Importa cualquier tipo de archivo. (paquete "rio").

## OJO!

• Para guardar bases de datos deben darle un nombre.

Cuidado con el nombre que le den.

 Uno de los errores recurrentes de porqué no se ejecutan los comandos es debido a que se olvidan de como llamaron a la base de datos.

# Paquete rio

Este paquete permite importar casi cualquier tipo de archivo a R.

Es necesario instalar el paquete "rio".

install.packages("rio") Este comando instala el paquete.

Library(rio) Este comando carga el paquete.

# Import()

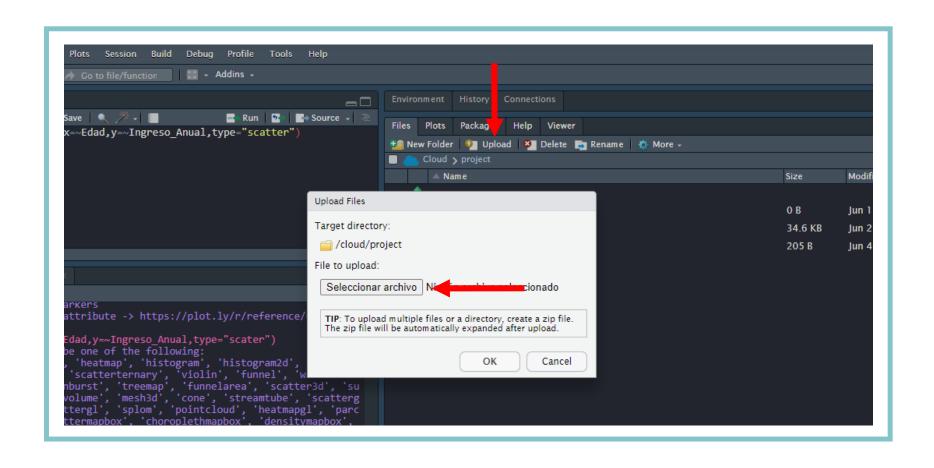
El comando impor() es el que permite importar las bases.

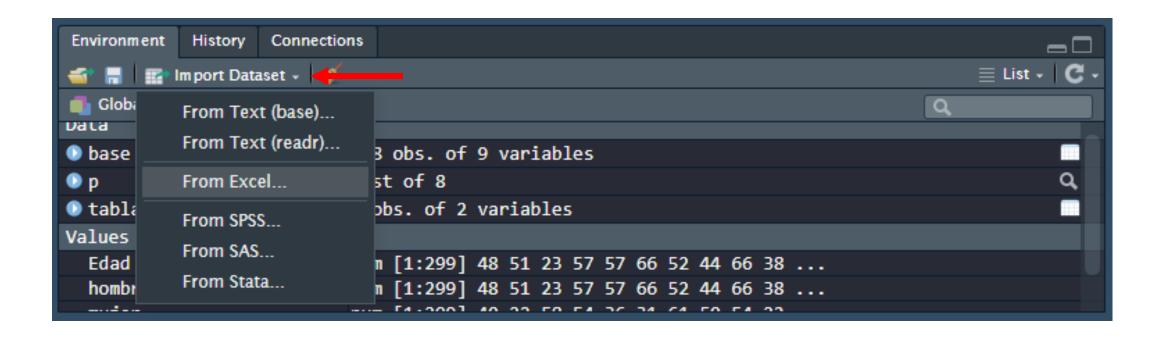
El comando file.choose() permite seleccionar un archivo simplemente a través de clicks.

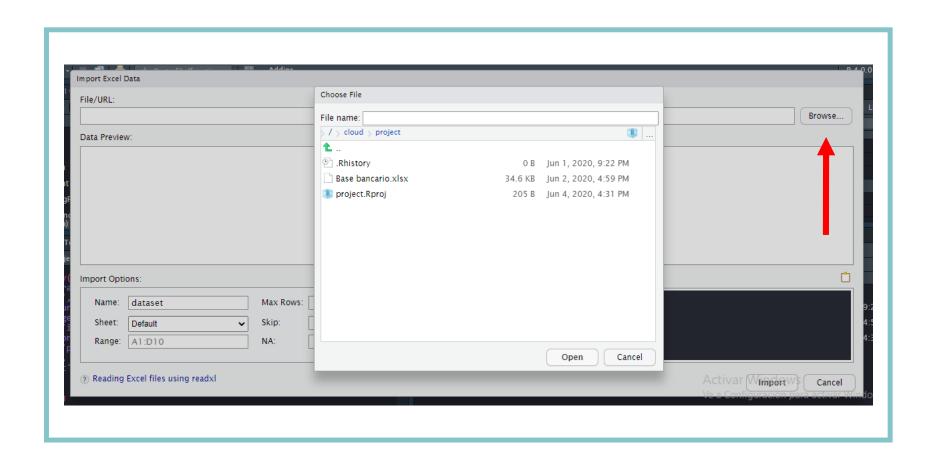
import(file.choose()) carga la base de datos seleccionada.

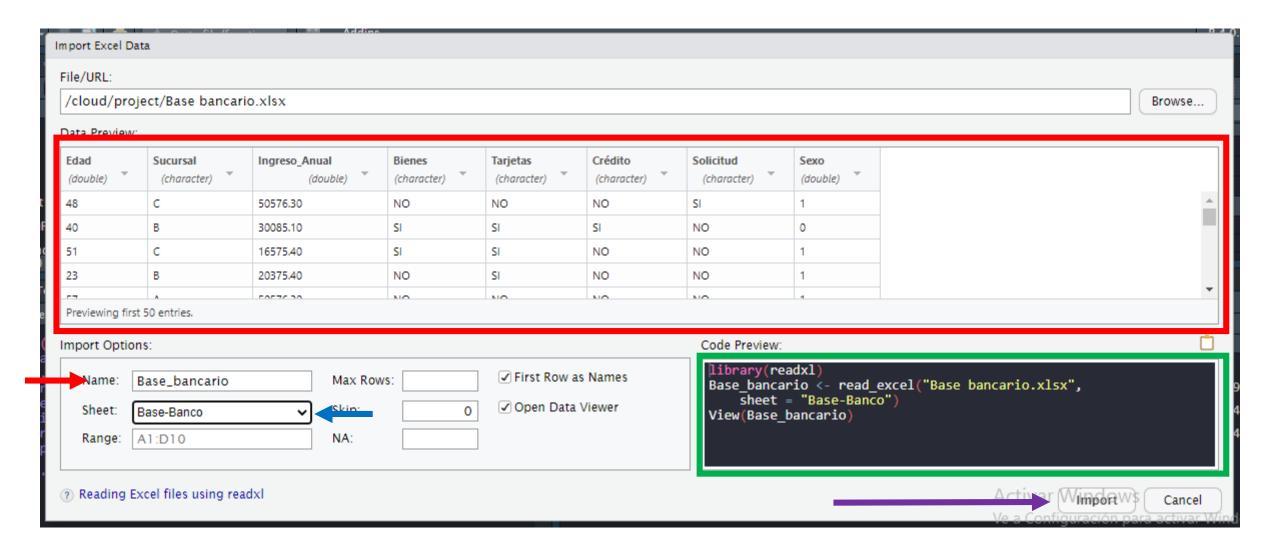
### Base <- import(file.choose())

Es necesario guardar la base como objeto para poder trabajar la base de datos.









## Leer bases de datos

- head(): Esta función entrega las primeras filas de mi base de datos, vector o tabla.
- **summary():** Produce un resumen simplificado de una base de datos, una función, un modelo de ajuste, etc.
- names(): Entrega los nombres de las columnas que tiene una base de datos.
- Tail(): Esta función entrega las ultimas filas de mi base de datos, vector o tabla.

# Seleccionar columnas y filas

Para seleccionar una columna en especifico de la base de dato se utiliza \$ y luego el nombre de la columna.

Base\$Columna

base\_completa\$EDAD: selecciona la columna llamada EDAD.

# Seleccionar columnas y filas

También se pueden seleccionar columnas y filas utilizando [] después del objeto.

### Bases[,]:

Fila: base\_completa[numero de fila,]

Columna: base\_completa[, numero de columna]

Dato especifico: base\_completa[numero de fila,numero de columna]

Para filtrar bases de datos utilizamos [] colocando dentro el criterio por el cual queremos filtrar.

Criterio: Puede ir cualquier operación lógica que tenga sentido sobre una variable.

Seleccionaremos los datos de las personas que fuman.

base\_completa[base\_completa\$FUMA==1,]

Si queremos seleccionar solo a las personas menores o iguales a 35

base\_completa[base\_completa\$EDAD <= 35,]

Utilizando el filtro se puede seleccionar una único atributo observación especifica (columna) de esta base filtrada.

Para esto hay dos opciones:

1. Seleccionamos la variable de interés y luego reducimos la base con el filtro.

Base\$variable[Criterio]

2. Reducimos la base con el filtro y luego seleccionamos la variable de interés de esta base filtrada.

Base[Criterio,]\$variable

OJO! No olvidar la coma luego del criterio en este caso.

## Generar nuevas columnas

Para generar nuevas columnas colocamos el nombre de la base luego \$ y el nombre de la columna nueva.

Base\$nombre\_nueva\_variable = .....

Para remover una columna se coloca el nombre de esta columna luego <- NULL

Base\$nombre\_variable <- NULL

### **Generar nuevas columnas**

base\_completa\$Peso\_libras = base\_completa\$PESO \* 2.2

Calcula el peso de las personas en libras.

base\_completa\$Peso\_libras <- NULL

Elimina la nueva columna de peso en libras.

## Recodificar variables

• Para recodificar se utiliza la función ifelse()

ifelse(base\_completa\$FUMA==1,"Si","No")

Podemos generar una nueva columna recodificada.

base\_completa\$FUMA\_RECOD = ifelse(base\_completa\$FUMA==1,"Si","No")

## Paquete: Dplyr

Es un paquete de R diseñado para manipular, limpiar y resumir datos no estructurados.

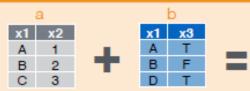
Hace que la exploración y manipulación de datos sea fácil y rápida en R.



# Funciones importantes

Función	Descripción
select()	Selecciona columnas. (variables)
filter()	Filtra por filas.
summarise()	Resumir datos.
join()	Une marcos de datos.

### **Combine Data Sets**



#### Mutating Joins

x1	x2	x3		
Α	1	x3	<pre>dplyr::left_join(a, b, by = "x1")</pre>	
В	2	F NA	lain matahing sawa fram h ta a	
С	3	NA	Join matching rows from b to	

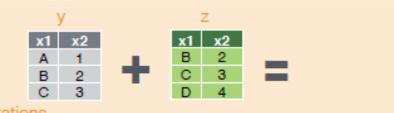


x2	х3	dplyr::inner_join(a, b, by = "x1")
1	Т	
2	F	Join data. Retain only rows in both sets.

x1	x2	хЗ	dplyr::full_join(a, b, by = "x1")		
Α	1	Т	uptyriutt_join(a, b, by = x1 )		
В	2	F	Join data. Retain all values, all rows.		
C	2 3 NA	NA	Join data. Netain all values, all fow		
D	NA	Т			

#### Filtering Joins

x1 x2	dplyr::semi_join(a, b, by = "x1")
A 1 B 2	All rows in a that have a match in b.
x1 x2	<pre>dplyr::anti_join(a, b, by = "x1")</pre>
C 3	All rows in a that do not have a match in b



#### Set Operations

x1	x2	dolumintorcost/v z)
В	2	dplyr::intersect(y, z)
С	3	Rows that appear in both y and z.
		Nows that appear in both y and 2.

x1	x2	
Α	1	dplyr::union(y, z
В	2	aptymamon(), 2
~		D 4b - 4

Rows that appear in either or both y and z.

dplyr::setdiff(y, z)			
-	Rows that appear in y but not z.		

#### Binding

x1	x2	
A	1	
В	2	dplyr::bind_rows(y, z)
C	3	
В	2	Append z to y as new rows.
С	3	
D	4	
		dnlyrybind cols/y z)

đ.	x2	x1	x2	apr)aa_sor.s(), 2/
A	1	В	2	Append z to y as new columns.
В	2	С	3	
С	3	D	4	Caution: matches rows by position



### **Subset Variables** (Columns)



#### dplyr::select(iris, Sepal.Width, Petal.Length, Species)

Select columns by name or helper function.

#### Helper functions for select - ?select

```
select(iris, contains("."))
```

Select columns whose name contains a character string.

select(iris, ends\_with("Length"))

Select columns whose name ends with a character string.

select(iris, everything())

Select every column.

select(iris, matches(".t."))

Select columns whose name matches a regular expression.

select(iris, num\_range("x", 1:5))

Select columns named x1, x2, x3, x4, x5.

select(iris, one\_of(c("Species", "Genus")))

Select columns whose names are in a group of names.

select(iris, starts\_with("Sepal"))

Select columns whose name starts with a character string.

select(iris, Sepal.Length:Petal.Width)

Select all columns between Sepal.Length and Petal.Width (Inclusive).

select(iris, -Species)

Select all columns except Species.

# select()

### **Subset Observations** (Rows)



dplyr::filter(iris, Sepal.Length > 7)

Extract rows that meet logical criteria.

dplyr::distinct(iris)

Remove duplicate rows.

dplyr::sample\_frac(iris, 0.5, replace = TRUE)

Randomly select fraction of rows.

dplyr::sample\_n(iris, 10, replace = TRUE)

Randomly select n rows.

dplyr::slice(iris, 10:15)

Select rows by position.

dplyr::top\_n(storms, 2, date)

Select and order top n entries (by group if grouped data).

	Logic in R - ?0	::Logic	
<	Less than	!=	Not equal to
>	Greater than	%in%	Group membership
==	Equal to	is.na	Is NA
<=	Less than or equal to	!is.na	Is not NA
>=	Greater than or equal to	&, ,!,xor,any,all	Boolean operators



#### **Summarise Data**



dplyr::summarise(iris, avg = mean(Sepal.Length))

Summarise data into single row of values.

dplyr::summarise\_each(iris, funs(mean))

Apply summary function to each column.

dplyr::count(iris, Species, wt = Sepal.Length)

Count number of rows with each unique value of variable (with or without weights).



Summarise uses **summary functions**, functions that take a vector of values and return a single value, such as:

dplyr::first	min
First value of a vector.	Minimum value in a vector.
dplyr::last	max
Last value of a vector.	Maximum value in a vector.
dplyr::nth	mean
Nth value of a vector.	Mean value of a vector.
dplyr:: <b>n</b>	median
# of values in a vector.	Median value of a vector.
dplyr::n_distinct	var
# of distinct values in	Variance of a vector.
a vector.	sd
IQR	Standard deviation of a
IQR of a vector.	vector.

# summarise()

