

Taller 4

Juan David

2024-11-19

Cargar el conjunto de datos PlantGrowth original

```
data("PlantGrowth")
```

Crear una copia con datos faltantes

```
set.seed(123) # para reproducibilidad PlantGrowth_na <- PlantGrowth num_na <- 5 #  
número de valores a reemplazar con NA na_indices <-  
sample(1:nrow(PlantGrowth_na), num_na) PlantGrowth_na$weight[na_indices] <- NA
```

Funciones de Estadísticas Descriptivas para PlantGrowth_na por grupo

1. Media del Peso por Grupo (ignorar NA)

```
calcular_media_por_grupo <- function() { mean_vals <-  
tapply(PlantGrowth_na$weight, PlantGrowth_na$group, mean, na.rm = TRUE) # Insertar  
código aquí return(mean_vals) }
```

2. Mediana del Peso por Grupo (ignorar NA)

```
calcular_mediana_por_grupo <- function() { median_vals <-  
tapply(PlantGrowth_na$weight, PlantGrowth_na$group, median, na.rm = TRUE) #  
Insertar código aquí return(median_vals) }
```

3. Varianza del Peso por Grupo (ignorar NA)

```
calcular_varianza_por_grupo <- function() { var_vals <-  
tapply(PlantGrowth_na$weight, PlantGrowth_na$group, var, na.rm = TRUE) # Insertar  
código aquí return(var_vals) }
```

4. Desviación Estándar del Peso por Grupo (ignorar NA)

```
calcular_desviacion_por_grupo <- function() { sd_vals <-  
tapply(PlantGrowth_naweight, PlantGrowth_nagroup, sd, na.rm = TRUE) # Insertar  
código aquí return(sd_vals) }
```

5. Rango Intercuartil (IQR) del Peso por Grupo (ignorar NA)

```
calcular_rango_intercuartil_por_grupo <- function() { iqr_vals <-  
tapply(PlantGrowth_naweight, PlantGrowth_nagroup, IQR, na.rm = TRUE) # Insertar  
código aquí return(iqr_vals) }
```

6. Percentil 90 del Peso por Grupo (ignorar NA)

```
calcular_percentil_90_por_grupo <- function() { perc_90_vals <-  
tapply(PlantGrowth_naweight, PlantGrowth_nagroup, quantile, 0.9, na.rm = TRUE) #  
Insertar código aquí return(perc_90_vals) }
```

Funciones de Visualización para PlantGrowth_na por grupo

7. Histograma del Peso por Grupo (ignorar NA) - Devuelve conteos de frecuencias por grupo

```
crear_histograma_por_grupo <- function() { grupos <- unique(PlantGrowth_na$group)  
resultados <- list() for (grupo in grupos) { hist_data <-  
hist(PlantGrowth_na$weight[PlantGrowth_na$group == grupo &  
!is.na(PlantGrowth_na$weight)], # Insertar código aquí plot = TRUE, main =  
"Histograma", xlab = grupo) resultados[[grupo]] <- hist_data$counts # conteos de  
frecuencias en cada intervalo } return(resultados) }
```

8. Diagrama de Caja del Peso por Grupo (ignorar NA) - Devuelve estadísticas del boxplot por grupo

```
crear_boxplot_por_grupo <- function() { box_data <- boxplot(weight ~ group, data =  
PlantGrowth_na, plot = TRUE) # Insertar código aquí return(box_data$stats) # retorna  
estadísticas de los boxplots (min, Q1, mediana, Q3, max) }
```

9. Diagrama de Dispersión de Peso por Grupo (con ruido aleatorio, ignorar NA) - Devuelve número de puntos por grupo

```
crear_dispersion_por_grupo <- function() { grupos <- unique(PlantGrowth_na$group)  
puntos_por_grupo <- sapply(grupos, function(grupo) {  
sum(!is.na(PlantGrowth_na$weight[PlantGrowth_na$group == grupo])) # cuenta  
puntos no NA # Insertar código aquí }) return(puntos_por_grupo) }
```

10. Gráfico de Barras de la Media del Peso por Grupo (ignorar NA) - Devuelve medias por grupo

```
crear_grafico_barras_por_grupo <- function() { medias_por_grupo <-  
tapply(PlantGrowth_na$weight, PlantGrowth_na$group, mean, na.rm = TRUE) # Insertar  
código aquí barplot(medias_por_grupo, main = "Media del Peso por Grupo con NA",  
col = "orange", xlab = "Grupo", ylab = "Peso Medio") return(medias_por_grupo) }
```