

Laboratorio-semana-3.R

Junio

2022-02-11

```
#Filiberto Lozoya Ojeda  
#11/02/2022  
#Laboratorio semana 3
```

```
# Parte 1: Importar datos -----
```

```
#getwd()  
#setwd("C:/Users/Junio/OneDrive/Documentos/Filiberto_RStudio_Principios_de_Estadistica_2022/Fili_Princi  
#trees <- read.csv("DBH_1.csv", header=TRUE)  
#head(trees)
```

```
# Ingresar datos directo en la consola -----
```

```
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)
```

```
# Datos de URL no seguras (http) -----
```

```
prof.url <- "http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/7635/1/accionesInspeccionvsrm.csv"  
profepa <- read.csv(prof.url)  
head(profepa)
```

##	Estado	Materia	Inspección	Operativo
## 1	Aguascalientes	Recursos marinos	0	0
## 2	Baja California	Recursos marinos	2	13
## 3	Baja California Sur	Recursos marinos	20	21
## 4	Campeche	Recursos marinos	6	2
## 5	Chiapas	Recursos marinos	2	1
## 6	Chihuahua	Recursos marinos	0	0

```
prof.url_2 <- paste0("http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/",  
                    "file/7635/1/accionesInspeccionfoanp.csv")  
profepa2 <- read.csv(prof.url_2)  
head(profepa2)
```

##	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
```

```
# 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 x 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 -----
```

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

```
## Warning in mean.default(trees$dbh): argument is not numeric or logical:  
## returning NA
```

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

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

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

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

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

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

```
## integer(0)
```

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

```
## [1] Girth Height Volume  
## <0 rows> (or 0-length row.names)
```

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

```
##      Girth Height Volume  
## 6    10.8      83    19.7  
## 8    11.0      75    18.2  
## 9    11.1      80    22.6  
## 13   11.4      76    21.4  
## 16   12.9      74    22.2  
## 19   13.7      71    25.7
```

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

```
## Warning in mean.default(trees$dbh): argument is not numeric or logical:  
## returning NA
```

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

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

```
## Warning in mean.default(trees.1$dbh): argument is not numeric or logical:  
## returning NA
```

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

```
# Parte 3 Representación gráfica -----

# HISTOGRAMAS
mamiferos <- read.csv("https://www.openintro.org/data/csv/mammals.csv")
#hist(mamifero$total_sleep)

#hist(mamifero$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 = "#996600")

#DATOS

#hist(mamifero$total_sleep, # Datos

#xlim = c(0,20), ylim = c(0,14), # Cambiar los límites de x & y

#main = "Total de horas sueño de las 39 especies", # Cambiar el título

# xlab = "Horas sueño", # Cambiar eje de las x

#ylab = "Frecuencia", # Cambiar eje de las y

#las = 1, # Cambiar orientación de y

# col = "#996600") # Cambiar color de las barras

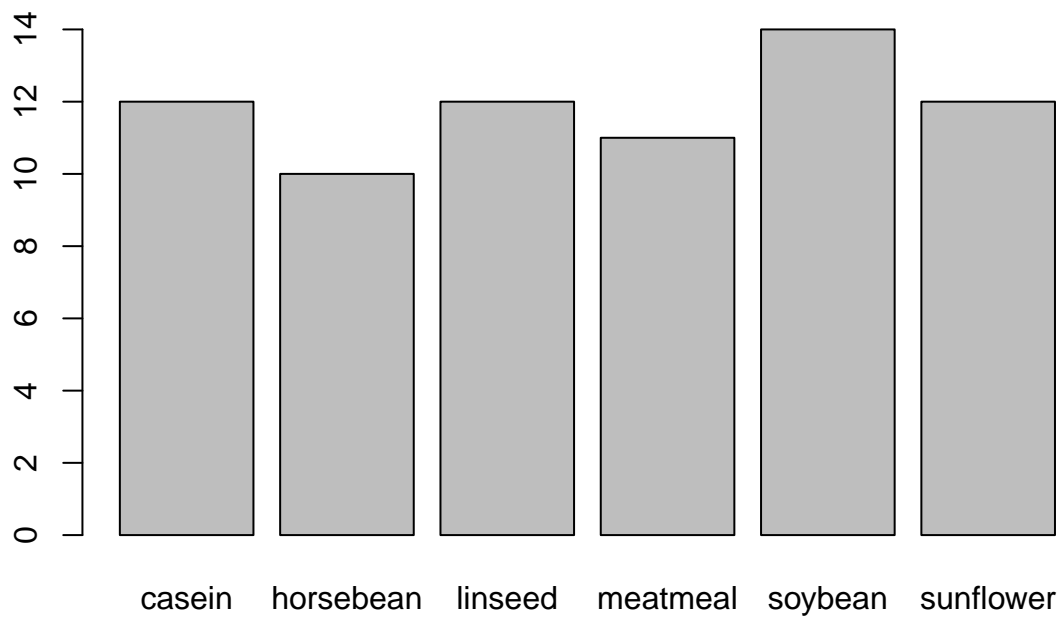
#BARPLOTS O GRAFICO DE BARRAS
data("chickwts")
head(chickwts[c(1:2,42:43, 62:64), ])
```

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

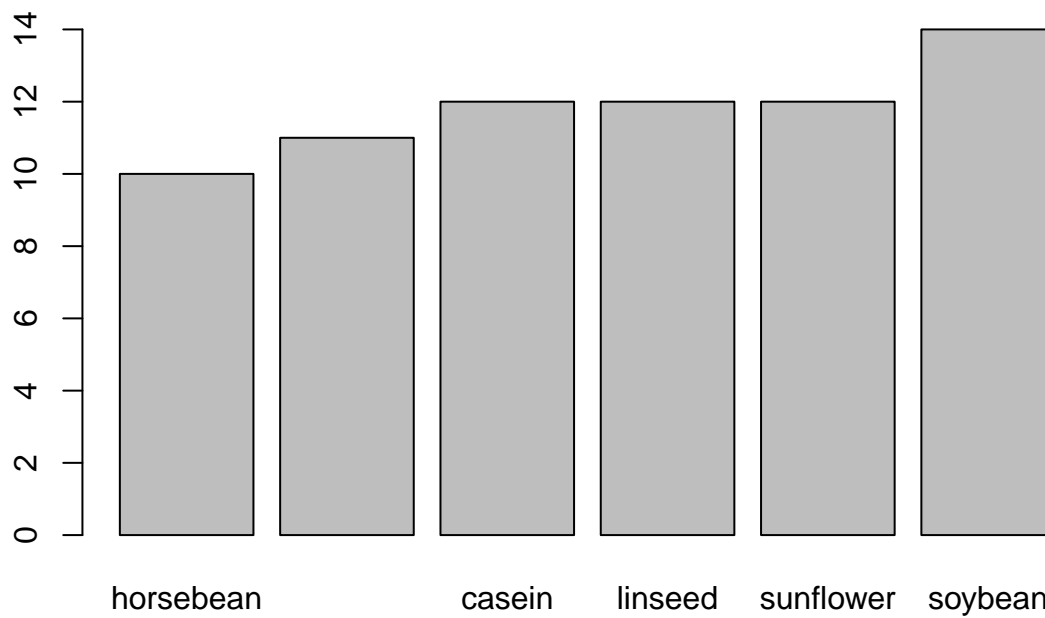
```
feeds <- table(chickwts$feed)
feeds
```

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

```
barplot(feeds)
```



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



#PERSONALIZAR MI HISTOGRAMA

```
barplot(sort(feeds), horiz = TRUE,  
        main = "Frecuencia de alimentacion",  
        las = 1, xlab = "Números de pollos",  
        col = c("#FFA000", "#FFB300", "#FFC107", "#FFCA28", "#FFD54F", "#FFE082"))
```

Frecuencia de alimentacion

