

¿Qué es R?

R es un lenguaje de programación, creado por Ross Ihaka y Robert Gentleman, cuya característica principal es que forma un entorno de análisis estadístico para la manipulación de datos, su cálculo y creación de gráficos.

La página principal del proyecto "**R-project**" *https://cran.r-project.org/*, en ella podremos conseguir gratuitamente el programa, manuales, paquetes y demás elementos que forman la gran familia que es R.

R es un proyecto vivo, ya que los usuarios pueden contribuir al proyecto implementando funciones, librerías, ... Ningún otro programa estadístico en la actualidad reúne la cantidad de recursos y manejabilidad que posee **R**.



- Capacidad de combinar, manipular, modificar datos y funciones.
- Gráficos de alta calidad
- La comunidad de R es muy dinámica, con gran crecimiento del número de paquetes.
- Hay extensiones específicas a nuevas aéreas como BioInformática, geoestadística y modelos gráficos.
- Es un lenguaje orientado a objetos.



La versión más actualizada de *R* se puede descargar gratis de su sitio oficial *R*- CRAN (abreviación de *The Comprehensive R Archive Network*) en http://cran.r-project.org/.



CRAN Mirrors What's new? Task Views Search

About R R Homepage The R Journal

Software R Sources R Binaries Packages Other

Documentation Manuals FAOs Contributed The Comprehensive R Archive Network

Download and Install R

Precompiled binary distributions of the base system and contributed packages, **Windows and Mac** users most likely want one of these versions of R:

- Download R for Linux
- Download R for (Mac) OS X
- Download R for Windows

R is part of many Linux distributions, you should check with your Linux package management system in addition to the link above.

Source Code for all Platforms

Windows and Mac users most likely want to download the precompiled binaries listed in the upper box, not the source code. The sources have to be compiled before you can use them. If you do not know what this means, you probably do not want to do it!

- The latest release (Priday 2017-04-21, You Stupid Darkness) <u>R-3.4.0.tar.gz</u>, read <u>what's new in</u> the latest version.
- Sources of <u>R alpha and beta releases</u> (daily snapshots, created only in time periods before a planned release).
- Daily snapshots of current patched and development versions are <u>available here</u>. Please read
 about <u>new features and bug fixes</u> before filing corresponding feature requests or bug reports.
- Source code of older versions of R is available here.
- Contributed extension packages

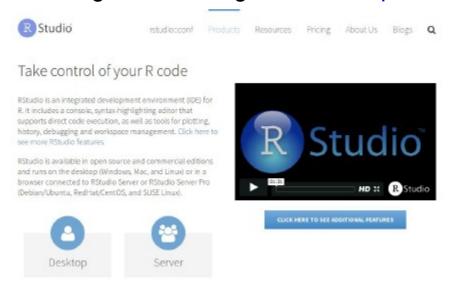
Questions About R

Instalación de R-Studio

El **RStudio** es un editor que permite escribir líneas de instrucciones ("script") en lenguaje R para ser ejecutadas por el intérprete de R. Su uso reporta una serie de ventajas como la de poder guardar y editar el script y reconocer las sintaxis de programación en **R**.

El **RStudio** identifica en colores la sintaxis conocida y brinda otras comodidades que hacen más sencillo el trabajo con el programa.

RStudio se puede descargar en forma gratuita en http://rstudio.org





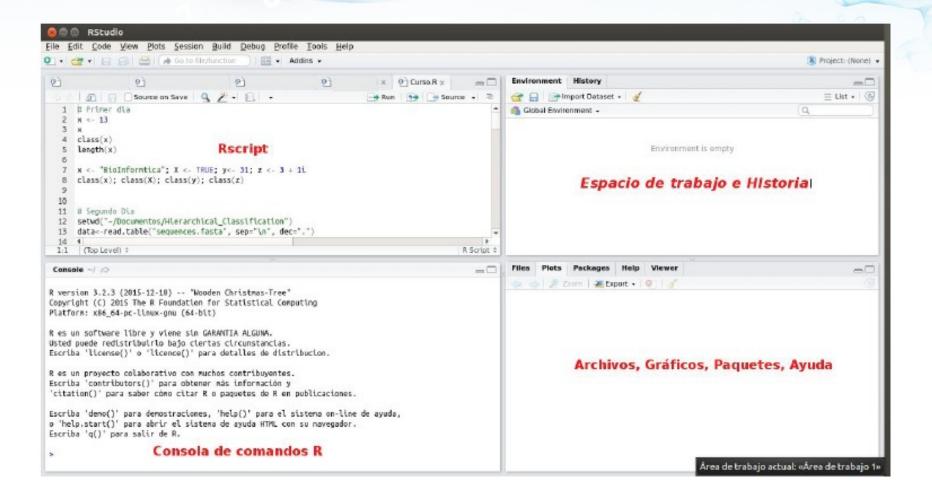
R es un lenguaje de programación *interpretado orientado a objetos*.

Un lenguaje interpretado significa que las instrucciones escritas en el teclado son ejecutados directamente sin necesidad de construir nada más.

Orientado a Objetos significa que las variables, datos, funciones, resultados, se guardan en la memoria activa del computador en forma de objetos con un nombre específico.

El usuario puede modificar o manipular estos objetos con operadores (aritméticos, lógicos, y comparativos) y funciones (que a su vez son objetos).

R y RStudio





Los objetos en **R** tienen un nombre, un contenido y atributos que especifican el tipo de dato que presentan.

Todo **objeto** tiene dos atributos intrínsecos: **tipo** y **longitud**.

El **tipo** se refiere a la clase básica de los elementos en el objeto: numérico, carácter, complejo y lógico.

La **longitud** es simplemente el número de elementos en el objeto.

Para asignar un valor a un objeto se utiliza la flecha hacia la izquierda variable <- valor

Para ver el tipo y la longitud de un objeto se pueden usar las funciones class y length respectivamente.



- Para saber los objetos que tenemos en el espacio de trabajo se utiliza ls().
- Escribir el nombre de un objeto muestra su contenido: mean.
- Para guardar el contenido del espacio de trabajo se pueden utilizar las funciones save.image() y save(<objetos>,file="nombre.RData").
- Para acceder a objetos de la carpeta de trabajo se pueden adjuntar attach("misdatos.RData")



x <- 13

X

[1] 13

class(x)

[1] "numeric"

length(x)

[1] 1

z < -3 + 1i

class(z)

[1] "complex"

En forma exponencial:

x <- 2.1e23

X

[1] 2.1e+23

Valores numéricos finitos:

x < -5/0

X

[1] Inf

exp(x)

[1] Inf

exp(-x)

[1] 0

x - 1e15

[1] Inf

Valores no numéricos

y < -x - x

V

[1] NaN



x <- "BioInformática"; X <- TRUE;

class(x); class(X)

[1] "character"

[1] "logical"

Operadores

Aritmético		Lógicos		Comparativos	
+	Suma	ļ	Not	>	Mayor
-	Resta	&	And	<	Menor
*	Multiplicación	&&	And	>=	Mayor o igual
/	División	1	Or	<=	Menor o igual
٨	Potencia		Or	ļ=	Distinto
%%	Modulo			==	Igual
%/%	División de enteros				



vector: colección ordenada de elementos del mismo tipo.

 $V \leftarrow c(2,4,5,78,-1)$ crea un vector de 5 elementos enteros

z <- c(TRUE, TRUE, FALSE)

arreglo: generalización multidimensional del vector donde los elementos son del mismo tipo.

array(data = NA, dim = length(data), dimnames = NULL)

data un vector de datos dim vector que especifica las dimensiones dimnames vector que especifica los nombres

matriz: un arreglo bidimensional.

matrix(data = NA, nrow = 1, ncol = 1, byrow = FALSE, dimnames = NULL)

data un vector opcional de datos nrow especifica la cantidad de filas ncol especifica la cantidad de columnas byrow valor lógico que indica si los valores en data se deben rellenar por columnas (por defecto False) o por filas (True). dimnames permite asignar nombres a las filas y columnas.

matrix(data=5, nr=2, nc=2)

[,1] [,2]

[1,] 5 5

[2,] 5 5

matrix(1:6, 2, 3)

[,1] [,2] [,3]

[1,] 1 3 5

[2,] 2 4 6

matrix(1:6, 2, 3, byrow=TRUE)

[,1] [,2] [,3]

[1,] 1 2 3

[2,] 4 5 6



factor: tipo de vector para datos cualitativos.

$$x \leftarrow factor(c(1, 2, 2, 1, 1, 2, 1, 2, 1))$$

data frame: similar a un arreglo pero con columnas de diferentes tipos. Es el objeto mas habitual para los datos experimentales.

```
data.exp <- data.frame(ID=c("gen0", "genB", "genZ"), subj1 = c(10, 25, 33), subj2 = c(NA, 34, 15), oncogen = c(TRUE, TRUE, FALSE), loc = c(1,30, 125))
```

expresión: serie de caracteres. Cuando se escribe un comando directamente en el teclado, este es evaluado por R y ejecutado si es válido. En muchos casos, es útil construir una expresión (expression) sin evaluarla y se puede evaluar con eval.

```
media <- 3; varianza <- 0.5; x <- 1 f_gausiana <- expression (exp(-(x-media)^2/2*varianza)) eval (f_gausiana) [1] 0.3678794
```

[1] "Primer Nombre" "Segundo Nombre" "Anellido"

lista: colección ordenada de objetos. Los elementos pueden o no ser del mismo tipo de dato. Así una lista puede estar compuesta por un vector numérico, un valor lógico, una matriz y una función.

```
list (nombre<sub>1</sub> = objeto<sub>1</sub>, nombre<sub>2</sub> = objeto<sub>2</sub>, ..., nombre<sub>m</sub> = objeto<sub>m</sub>)
X <- c("F", "L", "A", "V", "I", "O")
y <- c("E", "Z", "E", "Q", "U", "I", "E", "L")
z <- c("Spetale")
L1 \leftarrow list(x, y, z)
[1] "F" "L" "A" "V" "I" "O"
[[2]]
[1] "E" "Z" "E" "Q" "U" "I" "E" "L"
[[3]]
[1] "Spetale"
names(L1)
NULL
L2 <- list(Primer Nombre=x, Segundo Nombre=y, Apellido=z)
L2
$Primer Nombre
[1] "F" "L" "A" "V" "I" "O"
$Segundo Nombre
[1] "E" "Z" "E" "Q" "U" "I" "E" "L"
$Apellido
[1] "Spetale"
names(L2)
```

Series de tiempo: un objeto creado por la función ts a partir de un vector (serie de tiempo única) o una matriz (serie multivariada).

ts(data = NA, start = 1, end = numeric(), frequency = 1, deltat = 1, ts.eps = getOption("ts.eps"), class = , names =)

ts(1:10, start = 1959)

Time Series:

Start = 1959

End = 1968

Frequency = 1

[1] 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10

ts(1:33, frequency = 12, start = c(1982, 4))

Jan Feb Mar Apr May Jun Jul Aug Sep Oct Nov Dec 1982 1 2 3 4 5 6 7 8 9 1983 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 1984 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33



Ejercicios

Realizar las siguientes instrucciones y analizar su respuesta.

```
m1 <- matrix(1, nr = 2, nc = 2)
m2 \leftarrow matrix(letters, nr = 2, nc = 2)
rbind(m1, m2)
cbind(m1, m2)
diag(m1)
diag(m1) <- 20
m2 \leftarrow matrix(1:4, nr = 2, nc = 2)
m1 * m2
crossprod(m1,m2)
m1 <- matrix(1, nr = 2, nc = 3)
m2 \leftarrow matrix(1:6, nr = 3, nc = 2)
m3<- m1 %*% m2
m3<- t(m1) %*% t(m2)
```



Ejercicios

Realizar las siguientes instrucciones y analizar su respuesta.

```
bebidas <- factor(c("jugo","jugo","vino","agua", "agua"))</pre>
```

```
p <- c(3,7,18)
q <- c("F", "E", "S")
x <- list(num=p, letra=q)
```

x\$letra

x[2]



Estructura condicional if

if (expresión) {secuencia de instrucciones 1} else {secuencia de instrucciones 2}

```
if (10 > x) {
print("x eS MENOR")} else {
  print("x es MAYOR")}
[1] "x es MAYOR"
```

Control condicional switch

switch (expresión, nombre₁={secuencia de instrucciones}, nombre₂={secuencia de instrucciones}, ..., nombre_n={secuencia de instrucciones})

Se evalúa una *expresión* y dependiendo de su respuesta, se ejecutará la acción que coincida con dicha respuesta.

```
x<-"A"
switch(x,
    'A'=print("Primera condición"),
    'B'=print("Segunda condición"),
    'C'=print("Tercera condición"))
```

[1] "Primera condición"

Ciclos de repetición

Repeticiones por un número conocido de veces for

for (variable_for in expresión) {secuencia de instrucciones}

num_complex <- c(3 + 2i, 6 + 12i, 9 - 3i, pi)

for (j in 1:4) {
 print(num_complex[j]) }

[1] 3+2i

[1] 6+12i

[1] 9-3i

[1] 3.141593+0i

Ciclos de repetición

Repeticiones mientras se cumple una condición while

while (condición) {secuencia de instrucciones}

La secuencia de instrucciones se evalúa repetidamente hasta que la *condición* sea falsa.

```
i <- 6
while (i>=6 & i <= 11) {
  print(LETTERS[i])
  i <- i + 1 }

[1] "F"
[1] "G"
[1] "H"
[1] "I"
[1] "J"</pre>
```

Ciclos de repetición

Repeticiones infinitas repeat ... break

repeat {secuencia de instrucciones break}

La secuencia de instrucciones se evalúa repetidamente hasta que se encuentra la instrucción *break* que interrumpe el ciclo.

```
i <- 1
repeat {
  print(letters[i])
  i <- i + 1
  if (i > 6) break}

[1] "a"
  [1] "b"
  [1] "c"
  [1] "d"
  [1] "e"
  [1] "f"
```



Ejercicios

Realizar las siguientes instrucciones y analizar su respuesta.

```
x<-colours()
mode(x)
length(x)
if (x=="lightskyblue") {
       print("El color pertenece a la paleta de colores de R")} else {
       print("El color no pertenece a la paleta de colores de R")}
if (x[1]=="lightskyblue") {
    print("El color pertenece a la paleta de colores de R")} else {
    print("El color no pertenece a la paleta de colores de R")}
if (x[430]=="lightskyblue") {
  print("El color pertenece a la paleta de colores de R")} else {
  print("El color no pertenece a la paleta de colores de R")}
```



Ejercicios

Realizar las siguientes instrucciones y analizar su respuesta.

```
x<- c("M", "D", "S", "E", "D", "M", "G", "S", "G", "R", "L", "G", "Q",
"I", "L", "K", "Q", "I", "W", "R", "Q", "N", "L", "M", "L", "K", "Q", "A",
"L", "L", "G", "D", "N")
numb_M <-0
for (i in 1:length(x)){
     if (x[i]=="M") numb_M\leftarrownumb_M+1}
numb_W<-0
i<-0
while(i<length(x)){
        i < -i + 1
        if (x[i]=="W") numb W<-numb W+1}
```

Funciones

```
NombreDeFuncion <- function(arg1, arg2, ..., argn) {
    secuencia de instrucciones}

hipotenusa <- function(x, y){
    sqrt(x^2 + y^2)}

class(hipotenusa)
[1] "function"
```

hipotenusa <- function(x=3, y=4) { # valores por ausencia return(sqrt(x^2 + y^2))}

Llamamos a la función con argumentos "ausentes" hipotenusa()
[1] 5



Ejercicios

Utilizar las siguientes funciones y analizar sus respuestas

print("Función para mostrar en pantalla objetos de R")

x <- c(10.4, 5.6, 3.1, 6.4, 21.7)
cat("Función para mostrar en pantalla una serie de
objetos concatenados", x)
sum(x)
which.max(x)
which.min(x)
mean(x)
median(x)
prod(x)
sort(x)</pre>

rnorm(n=10, mean=0, sd=1) runif(n=10, min=0, max=1) rbinom(n=10, size=5, prob=0.5)

Ejemplo de función sample

```
function (x, size, replace = FALSE, prob = NULL)
if (length(x) == 1L \&\& is.numeric(x) \&\& x >= 1) {
  if (missing(size))
   size <- x
  sample.int(x, size, replace, prob)
else {
  if (missing(size))
   size <- length(x)
  x[sample.int(length(x), size, replace, prob)]
```



La primera línea indica la función u operador elegido y entre llaves el paquete que lo contiene y la segunda línea nos proporciona el título.

Description: Una breve descripción de su función.

Usage: Para una función proporciona el nombre de la misma con todos sus argumentos y los posibles valores por defecto (opciones) mientras que para un operador describe su uso típico.

Arguments: Solo aplicable para funciones. Aquí se describe en detalle cada uno de sus argumentos.

Details: Una descripción más detallada sobre cómo utilizar la función u operador y que obtendría como respuesta.

Value: Si aplica el tipo de objeto retornado por la función o el operador puesto que no siempre debe devolver algo.

Reference: Papers que dieron origen a estas funciones u operadores. **See Also:** Otras páginas de ayuda con funciones u operadores similares.

Examples: Ejemplos de aplicación de la funciones u operadores.





Ejercicio

Importar los datos desde el archivo data_example.csv y aplicar una de las funciones antes vista, mediana, media, suma, ..., a cada columna de los datos leídos. Puede usar también la función apply.

apply(X, MARGIN, FUN, ...)

Ejemplo: mediana <- apply(datos, 2, median)

Lectura de datos

Scan: Lee vectores de datos que tienen el mismo modo. Si el primer argumento a escanear es un archivo se lee de ese archivo; en cambio si el primer argumento está vacío se lee los datos de la terminal finalizando cuando se lee una línea en blanco (enter).

scan(file = "", what = double(), nmax = -1, n = -1, sep = "", quote = if(identical(sep, "\n")) "" else "\"", dec = ".", skip = 0, nlines = 0, na.strings = "NA", flush = FALSE, fill = FALSE, strip.white = FALSE, quiet = FALSE, blank.lines.skip = TRUE, multi.line = TRUE, comment.char = "", allowEscapes = FALSE, fileEncoding = "", encoding = "unknown", text, skipNul = FALSE)

matrix.numeric <- matrix(scan(file="", what = numeric()),ncol=4)

Lectura de datos

Read.table: Lee datos desde un archivo y crea un marco de datos ('data frame') para acceder a ellos.

read.table(file, header = FALSE, sep = "", quote = "\"", dec = ".", numerals = c("allow.loss", "warn.loss", "no.loss"), row.names, col.names, as.is = !stringsAsFactors, na.strings = "NA", colClasses = NA, nrows = -1, skip = 0, check.names = TRUE, fill = !blank.lines.skip, strip.white = FALSE, blank.lines.skip = TRUE, comment.char = "#", allowEscapes = FALSE, flush = FALSE, stringsAsFactors = default.stringsAsFactors(), fileEncoding = "", encoding = "unknown", text, skipNul = FALSE)

data<-read.table("sequences.fasta", sep="\n", dec=".")

Ejercicio

Descargar desde Uniprot 10 secuencias de proteínas y utilizar la función read.table.





Write: guarda el contenido de un objeto en un archivo. Este objeto puede ser cualquier tipo de datos.

write(data, file="sequences.fasta", sep="\n")

Write.table: guarda el contenido de un objeto en un archivo. Este objeto es típicamente un data.frame pero puede ser cualquier otro tipo de objeto.

