

# LABORATORIO\_03\_JAIRO-LEAL.R

jairo

2023-02-23

```
# Laboratorio 3: Importar datos a R
```

```
# Maestría en Ciencias Forestales UANL
```

```
# Alumno: Jairo Alberto Leal Gómez
```

```
# Matricula: 1723093
```

```
# Objetivos de la práctica
```

```
## Iniciar una sesión en Rstudio
```

```
## Realizar una descripción estadística de un conjunto de datos.
```

```
## Comprender el diseño del panel de RStudio.
```

```
## Conozca la sintaxis markdown
```

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

```
# Importar desde archivos csv
```

```
trees <- read.csv("C:/Users/jairo/OneDrive/Escritorio/MCF 2022-2023/PRIMER SEMESTRE/ANALISIS ESTADISTICO/DR. MARCO/HW_2/DBH_1.csv", header = TRUE)
head(trees)
```

```
##   Tree  dbh parcela
## 1    1 16.5      1
## 2    2 25.3      1
## 3    3 22.1      1
## 4    4 17.2      1
## 5    5 16.1      1
## 6    6  8.1      1
```

```
# 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)
head(dbh)
```

```
## [1] 16.5 25.3 22.1 17.2 16.1  8.1
```

```
dbh
```

```
## [1] 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
## [16] 10.0 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
```

```
# Accesar datos de Internet
```

```
prof_url <- "http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/7635/1/accionesInspeccionfoanp.csv"
profepa <- read.csv(prof_url, header = FALSE)
head(profepa)
```

```
##           V1           V2           V3           V4
## 1      Entidad Inspecci\xf3n Recorrido Operativo
## 2    Aguascalientes           7           5           1
## 3    Baja California           0          12           3
## 4 Baja California Sur           5           9           3
## 5      Campeche           1           4           3
## 6      Chiapas           3          11           0
```

```
prof_url_2 <- paste0("http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/", "file/7635/1/accionesInspeccionfoanp.csv")
profepa2 <- read.csv(prof_url_2, header = FALSE)
head(profepa2)
```

```
##           V1           V2           V3           V4
## 1      Entidad Inspecci\xf3n Recorrido Operativo
## 2    Aguascalientes           7           5           1
## 3    Baja California           0          12           3
## 4 Baja California Sur           5           9           3
## 5      Campeche           1           4           3
## 6      Chiapas           3          11           0
```

```
# Datos de URL seguras: Dropbox y Github
```

```
# link https://mran.microsoft.com/snapshot/2014-12-26/web/packages/repmis/repmis.pdf
```

```
#Dropbox
```

```
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
```

```
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
## 7	7	10	C	C	2	17.1	15.34
## 8	8	12	C	D	2	20.6	17.22
## 9	9	16	F	C	4	18.2	15.15
## 10	10	14	F	I	5	16.1	14.66
## 11	11	8	H	D	3	14.2	17.43
## 12	12	5	H	D	6	14.8	17.45
## 13	13	12	F	I	2	19.1	14.18
## 14	14	5	C	I	2	16.7	13.40
## 15	15	12	C	S	4	18.9	10.40
## 16	16	20	H	S	3	12.4	11.52
## 17	17	15	H	C	0	17.3	14.61
## 18	18	20	F	D	1	22.7	21.46
## 19	19	15	C	C	4	15.1	17.82
## 20	20	14	C	I	3	17.7	11.38
## 21	21	14	C	S	5	13.4	8.50
## 22	22	13	C	I	4	16.2	12.80
## 23	23	14	F	D	1	18.5	18.71
## 24	24	20	F	I	4	15.0	14.48
## 25	25	21	F	C	2	18.8	14.81
## 26	26	5	H	I	4	15.8	12.01
## 27	27	2	H	I	3	16.1	11.70
## 28	28	22	C	C	3	15.4	16.03
## 29	29	22	C	I	0	17.8	14.46
## 30	30	18	C	S	1	18.5	8.47
## 31	31	16	C	I	3	14.1	11.22
## 32	32	16	C	C	5	14.8	12.34
## 33	33	17	F	C	4	15.5	16.79
## 34	34	17	F	I	6	13.8	16.06
## 35	35	18	F	S	4	13.0	13.20
## 36	36	20	H	C	2	18.2	14.30
## 37	37	22	H	C	0	22.3	16.84
## 38	38	20	H	I	3	17.8	13.84
## 39	39	17	C	I	4	13.1	11.31
## 40	40	17	C	I	6	12.8	13.20
## 41	41	16	C	C	3	13.3	13.75
## 42	42	23	F	C	3	15.6	14.60
## 43	43	23	H	C	4	16.6	12.56
## 44	44	22	C	I	5	13.0	10.88
## 45	45	24	C	I	4	10.2	13.93
## 46	46	23	F	I	3	14.4	12.68
## 47	47	24	C	S	6	7.7	10.00
## 48	48	25	C	S	5	9.9	8.69
## 49	49	25	H	D	1	20.4	16.73
## 50	50	24	H	D	3	20.9	16.25

```
# Github
```

```
library(readr)
file <- paste0("https://raw.githubusercontent.com/mgtagle/",
               "202_Analisis_Estadistico_2020/master/cuadro1.csv")
inventario <- read.csv(file)
inventario
```

##	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
## 7	7	10	C	C	2	17.1	15.34
## 8	8	12	C	D	2	20.6	17.22
## 9	9	16	F	C	4	18.2	15.15
## 10	10	14	F	I	5	16.1	14.66
## 11	11	8	H	D	3	14.2	17.43
## 12	12	5	H	D	6	14.8	17.45
## 13	13	12	F	I	2	19.1	14.18
## 14	14	5	C	I	2	16.7	13.40
## 15	15	12	C	S	4	18.9	10.40
## 16	16	20	H	S	3	12.4	11.52
## 17	17	15	H	C	0	17.3	14.61
## 18	18	20	F	D	1	22.7	21.46
## 19	19	15	C	C	4	15.1	17.82
## 20	20	14	C	I	3	17.7	11.38
## 21	21	14	C	S	5	13.4	8.50
## 22	22	13	C	I	4	16.2	12.80
## 23	23	14	F	D	1	18.5	18.71
## 24	24	20	F	I	4	15.0	14.48
## 25	25	21	F	C	2	18.8	14.81
## 26	26	5	H	I	4	15.8	12.01
## 27	27	2	H	I	3	16.1	11.70
## 28	28	22	C	C	3	15.4	16.03
## 29	29	22	C	I	0	17.8	14.46
## 30	30	18	C	S	1	18.5	8.47
## 31	31	16	C	I	3	14.1	11.22
## 32	32	16	C	C	5	14.8	12.34
## 33	33	17	F	C	4	15.5	16.79
## 34	34	17	F	I	6	13.8	16.06
## 35	35	18	F	S	4	13.0	13.20
## 36	36	20	H	C	2	18.2	14.30
## 37	37	22	H	C	0	22.3	16.84
## 38	38	20	H	I	3	17.8	13.84
## 39	39	17	C	I	4	13.1	11.31
## 40	40	17	C	I	6	12.8	13.20
## 41	41	16	C	C	3	13.3	13.75
## 42	42	23	F	C	3	15.6	14.60
## 43	43	23	H	C	4	16.6	12.56
## 44	44	22	C	I	5	13.0	10.88
## 45	45	24	C	I	4	10.2	13.93
## 46	46	23	F	I	3	14.4	12.68
## 47	47	24	C	S	6	7.7	10.00
## 48	48	25	C	S	5	9.9	8.69
## 49	49	25	H	D	1	20.4	16.73
## 50	50	24	H	D	3	20.9	16.25

```
# Parte 2: Operaciones con La base de datos -----
```

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

```
## [1] 15.64333
```

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

```
## [1] 7.448892
```

```
# Selección mediante restricciones
```

```
# ¿Cuántos individuos tiene un diámetro menor (<) a 10 cm?
```

```
# Indica la sumatoria de los individuos en el objeto tree con un dbh < a 10
```

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

```
## [1] 8
```

```
# También es interesante saber cuales son los individuos que son inferiores al diámetro (dbh < 10 cm)
```

```
# Para esto, hacemos uso de la función which que no regresará cuáles individuos son los que poseen tal restricción
```

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

```
## [1] 6 8 9 13 19 21 22 24
```

```
# Excluir los diámetros que se encuentran en la parcela 2. El objeto resultante se puede grabar como trees.13.
```

```
# El símbolo ! indica NO.
```

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

```
##      Tree  dbh parcela
## 1      1 16.5      1
## 2      2 25.3      1
## 3      3 22.1      1
## 4      4 17.2      1
## 5      5 16.1      1
## 6      6  8.1      1
## 7      7 34.3      1
## 8      8  5.4      1
## 9      9  5.7      1
## 10     10 11.2      1
## 21     21  9.7      3
## 22     22  6.5      3
## 23     23 23.4      3
## 24     24  8.2      3
## 25     25 28.5      3
## 26     26 10.4      3
## 27     27 11.5      3
## 28     28 14.3      3
## 29     29 17.2      3
## 30     30 16.8      3
```

```
# Selección de una submuestra
```

*# Una submuestra se puede obtener de cualquier base de datos que este disponible en R mediante la función subset[Crawley, 2007].*

*# Por ejemplo queremos obtener solo los diámetros iguales o menor esa 10 cm y deseamos guardarla en un objeto que se denominará trees.1.*

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

```
##      Tree  dbh parcela
## 6      6  8.1      1
## 8      8  5.4      1
## 9      9  5.7      1
## 13     13  7.7      2
## 16     16 10.0      2
## 19     19  7.8      2
```

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

```
## [1] 15.64333
```

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

```
## [1] 7.677778
```

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

```
# Histogramas
```

```
# Representación parcial de los datos de mamíferos y su comportamiento durante el sueño.
```

```
# Datos tomados de la fuente OpenIntro: t.ly/Yr5I.
```

```
mamiferos <- read.csv("https://www.openintro.org/data/csv/mammals.csv")
```

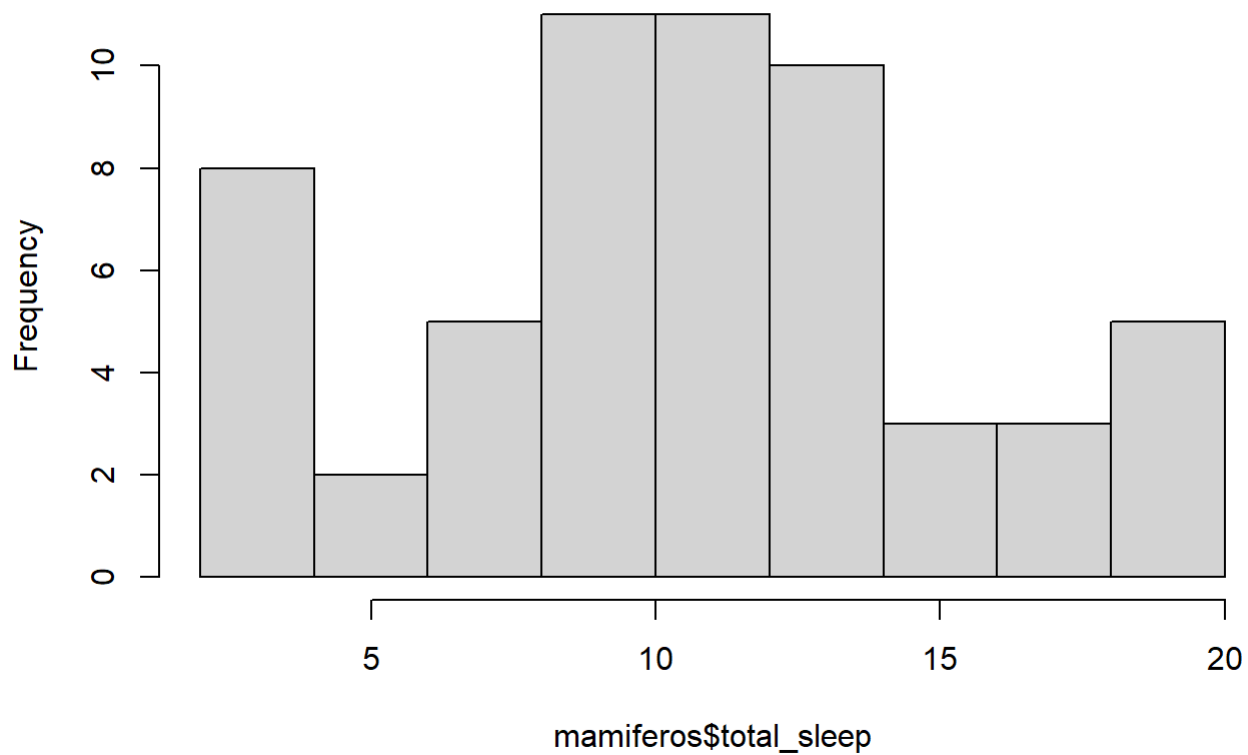
```
head(mamiferos)
```

```
##           species  body_wt brain_wt non_dreaming dreaming total_sleep
## 1  Africanelephant 6654.000   5712.0          NA         NA          3.3
## 2 Africangiantpouchedrat    1.000     6.6          6.3         2.0          8.3
## 3      ArcticFox      3.385    44.5          NA         NA         12.5
## 4 Arcticgroundsquirrel    0.920     5.7          NA         NA         16.5
## 5   Asianelephant 2547.000   4603.0          2.1         1.8          3.9
## 6      Baboon    10.550    179.5          9.1         0.7          9.8
##  life_span gestation predation exposure danger
## 1    38.6      645         3         5         3
## 2     4.5       42         3         1         3
## 3    14.0       60         1         1         1
## 4     NA        25         5         2         3
## 5    69.0      624         3         5         4
## 6    27.0      180         4         4         4
```

```
hist(mamiferos$total_sleep)
```

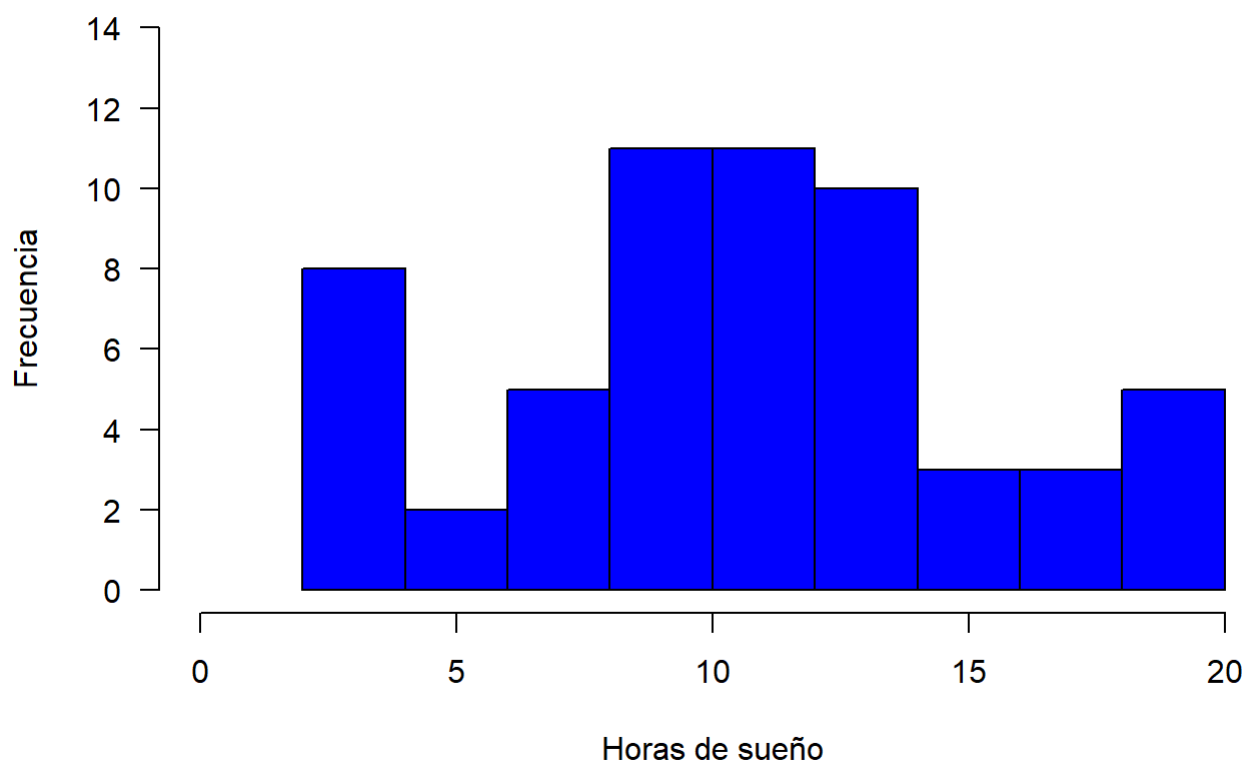


## Histogram of mamiferos\$total\_sleep



```
hist(mamiferos$total_sleep,  
     xlim = c(0,20), ylim = c(0,14),  
     main = "Total de horas suelo de las 39 especies",  
     xlab = "Horas de sueño",  
     ylab = "Frecuencia",  
     las = 1,  
     col = "blue")
```

## Total de horas suelo de las 39 especies



*# Barplot 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
```

*# Primeramente tendremos que acomodar los datos en columnas (los datos originales estan acomodados)*

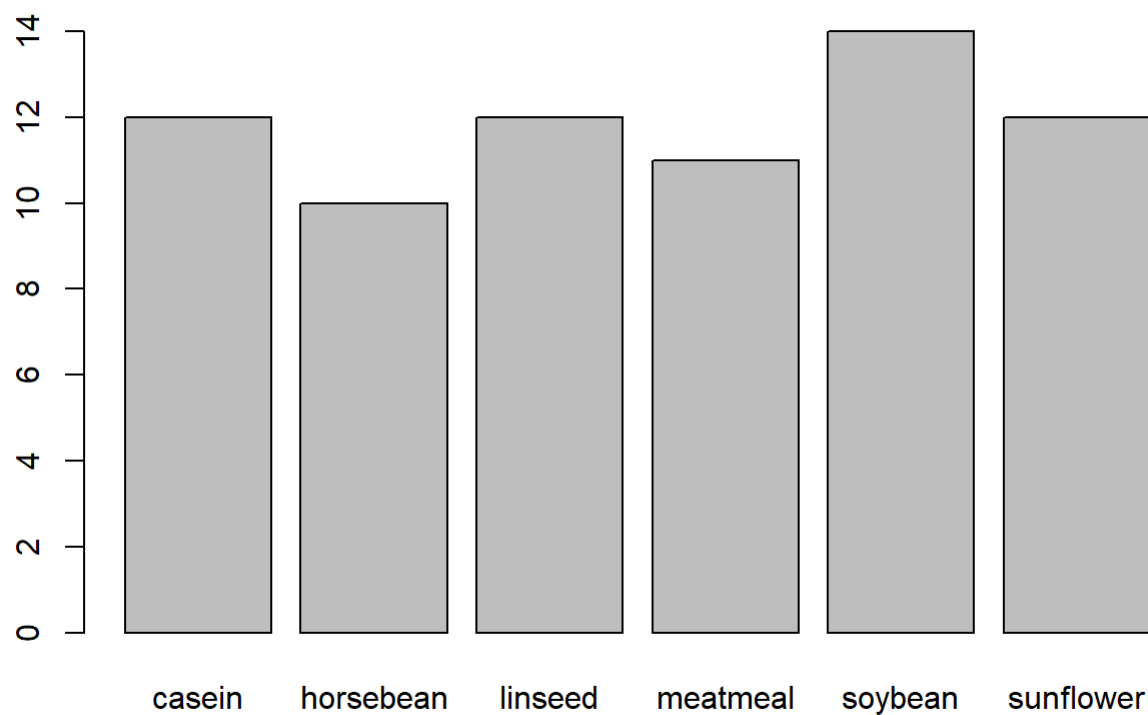
*# en dos columnas (weight, feed, Peso y tipo de alimentación de los pollos.)*

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

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

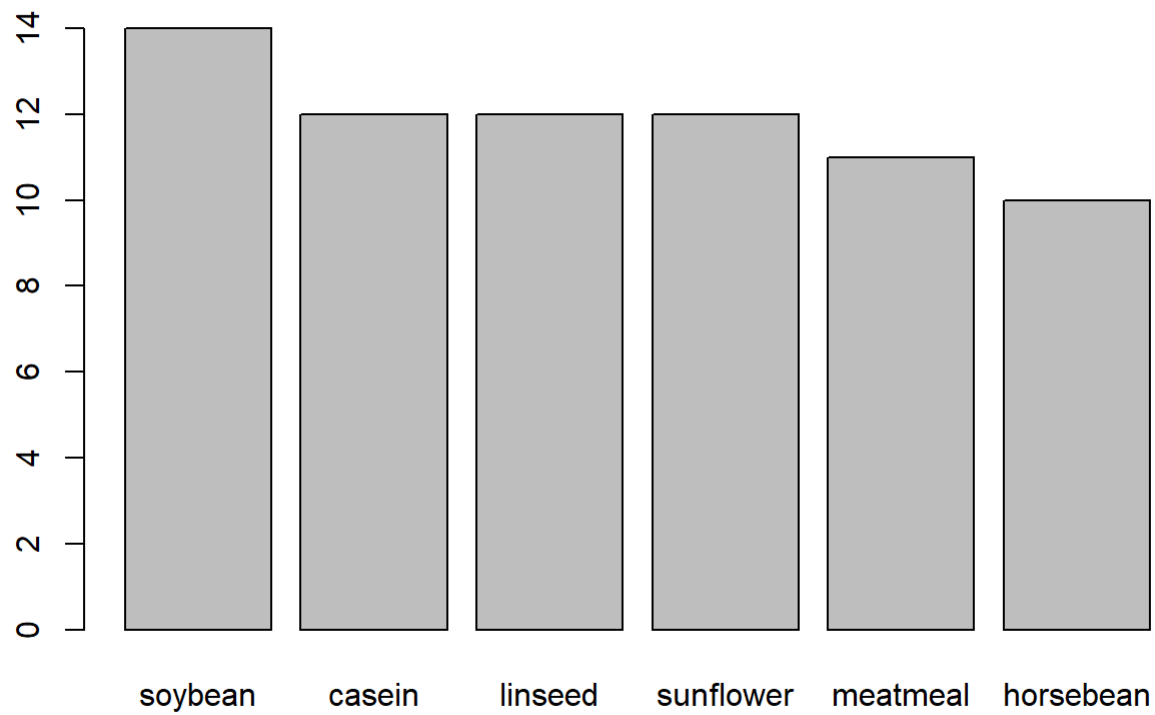
*# Los datos fueron acomodados en una tabla de frecuencias (Tipo de alimentación y la cantidad de pollos alimentados por cada tipo).*

```
barplot(feeds)
```



*# Para ordenar de forma decreciente las barras podemos personalizar como sigue*

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



```
barplot(feeds[order(feeds, decreasing = FALSE)],  
  main = "Frecuencias por tipos de alimentacion",  
  xlab = "Número de pollos",  
  col = colorRampPalette(c('yellow', 'yellow4'))(6),  
  horiz = 1,  
  las = 1)
```

