

```

#### abrir datos
library(rio)
setwd(choose.dir()) # Establece "path" como ruta de trabajo, está desactivo para producir el
documento
datos<-import("Tablas_de_Vida_Ejemplo_1.xlsx", sheet=1) # especifica nombre de archivo, ponga este
archivo en su directorio de trabajo
head(datos)

# estimacion de muertos
datos$dx.est<-abs(diff(c(datos$Nx,0)))
datos
plot(dx.est~x, data=datos, type="l", ylab="dx",
      xlab="edad", main="Número de muertos")

#### estimacion de vivos

(datos$Nx.est<-rev(cumsum(rev(datos$dx)))) # Se usa la función rev() para dar vuelta al orden del
vector

datos
#lx es la proporción de individuos sobrevivientes al inicio
# de cada categoría
# la función round se usa para redondear
datos$lx<-round(datos$Nx/datos$Nx[1],3)
head(datos)

#### graficar supervivencia
plot(datos$x, datos$lx,log="y", type="l", xlab="Categoría de edad", ylab="Tasa de supervivencia",
      col="blue")

#### probabilidad de supervivencia en cada categoria x

px<-vector()
for(i in 1:length(datos$lx)){
  pxi<-datos$lx[i+1]/datos$lx[i]
  px<-append(px, pxi)
}

datos$px<-round(px,3)
head(datos)

#### probabilidad de mortalidad en cada categoria x

datos$qx<-round(datos$dx/datos$Nx, 3)
head(datos)

plot(datos$x, datos$qx, xlab="Categoría de edad (años)",
      ylab="Probabilidad de morir qx")

####Promedio de vivos en x
Lx<-vector()
for(i in 1:length(datos$x)){
  Lxi<-(datos$Nx[i]+datos$Nx[i+1])/2
  Lx<-append(Lx, Lxi)
}
Lx<-round(Lx,3) # es un vector con 19 elementos
datos$Lx<-Lx
head(datos)

```

```

datos
### años por vivir de individuos en x

Tx<-rev(cumsum(na.omit(rev(datos$Lx))))
Tx<-append(Tx, NA)
datos$Tx<-Tx
head(datos)

### Esperanza de vida

ex<-datos$Tx/datos$Nx
datos$ex<-round(ex, 2)
head(datos)

#### Usando demogR

library(demogR)
datos<-import("Tablas_de_Vida_Ejemplo_1.xlsx") # especifica nombre de archivo
head(datos)
mi.tabla<-with(datos, life.table(x=x, nKx=Nx, nDx=dx, nxx=0.5, type="cohort", iwidth=1, width12 =
c(1,1)))
mi.tabla

# Kx=Nx, es el número de individuos al inicio de cada categoría de edad.
#
# nDx=dx, es el número de muertes que ocurren en cada categoría de edad.
#
# nxx=0.5, se especifica 0.5 porque entre las personas que murieron dentro de esa categoría de edad,
unos pudieron alcanzar casi hasta el final, otros murieron al inicio de periodo, pero se supone que
entre todos el promedio es que vivieron la mitad (0.5) de lo que equivale esa categoría.
#
# type="cohort", es el tipo de tabla de vida, en el ejemplo se supone que es un cohorte.
#
# iwidth=1, es el tamaño de las categorías de edad, en este caso es un año, pero otros casos, las
categorías de edad pueden ir de 5 en 5.
#
# width12 = c(1,1), es el tamaño de las dos primeras categorías de edad, se especifica esto porque en
humanos se suele hacer la categoría de 0 y 1 años y luego categorías de 5 en 5 años.

library(demogR)
plantas<-import("Tablas_de_Vida_Ejemplo_1.xlsx", sheet=4) # especifica nombre de archivo
plantas
mi.tabla<-with(plantas, life.table(x=x, nKx=Nx, nDx=dx, nxx=0.5, type="cohort", iwidth=1, width12 =
c(1,1)))
mi.tabla
#### Sx es lo mismo que px
mi.tabla
mi.tabla$Sx<-1-mi.tabla$nqx
mi.tabla<-cbind(plantas, mi.tabla)
(mi.tabla$mx<-mi.tabla$Bx/mi.tabla$Nx) ## Bx son en individuos

mi.tabla

#### estimación de tasa reproductiva neta
(R0=sum(mi.tabla$lx*mi.tabla$mx))

### tiempo de generación, cuántos años hay de una generación a otra
(TG=sum(mi.tabla$x*mi.tabla$lx*mi.tabla$mx)/R0)
### estimación tasa finita de incremento de la población (r)

```

```
(r.est=log(R0)/TG)
```

```
##Función para crear la matriz
```

```
Leslie<-function(x,y){  
  Px<-x  
  Fx<-c(y[-1],1)*c(x)  
  L<-oddiag(Px, -1)  
  L[1, ]<-c(Fx,0)  
  L<-L[1:(dim(L)[1]-1), 1:(dim(L)[1]-1)]  
}
```

```
###Usando la función creada
```

```
m1<-Leslie(x=mi.tabla$Sx, y=mi.tabla$mx)  
m1
```

```
## Proyectando la matriz
```

```
mi.tabla$Nx  
(proj10<-project.leslie(m1, mi.tabla$Nx, 10))  
plot(0:10, proj10[1, ],  
     type = "l", xlab = "Años",  
     ylab = "Tamaño de población", col = 1)
```