

Lab2.R

Usuario

2022-05-18

```
#KENNY RINCON
#10/02/2022
# LABORATORIO 2

# Importar datos -----
--

getwd()

## [1] "C:/Users/Usuario/Documents/kenny/Kenny-Estadisticas/Laboratorio"

setwd("C:/Users/Usuario/Documents/kenny/Kenny-Estadisticas/Tarea")
head(trees)

##   Girth Height Volume
## 1   8.3     70   10.3
## 2   8.6     65   10.3
## 3   8.8     63   10.2
## 4  10.5     72   16.4
## 5  10.7     81   18.8
## 6  10.8     83   19.7

# 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/accionesInspeccionvsr
m.csv"
Profepa <- read.csv(prof.url)
head(Profepa)

##           Estado      Materia Inspección Operativo
## 1 Aguascalientes Recursos marinos      0      0
## 2 Baja California Recursos marinos      0      0
## 3 Baja California Sur Recursos marinos      0      0
## 4 Campeche Recursos marinos      0      0
```

```
## 5          Chiapas Recursos marinos      0      0
## 6          Chihuahua Recursos marinos    0      0

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

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

# Datos de URL seguras (https): Dropbox y Github

library(repmis) # descargar
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) # muestra las primeras seis filas de la BD

##   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)
head(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
```

```

# Operaciones con la base de datos -----
--

mean(trees$dbh) # signo $ informa la columna

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

## [1] NA

sd(trees$dbh)

## [1] NA

# Selección mediante restricciones
# igual o mayor (>=), mayor que (>), igual que (==), igual o menor (<=),
menor que (<), no igual (!=)

altura <- subset(trees, trees$dbh < 10)

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

# selección de submuestra
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

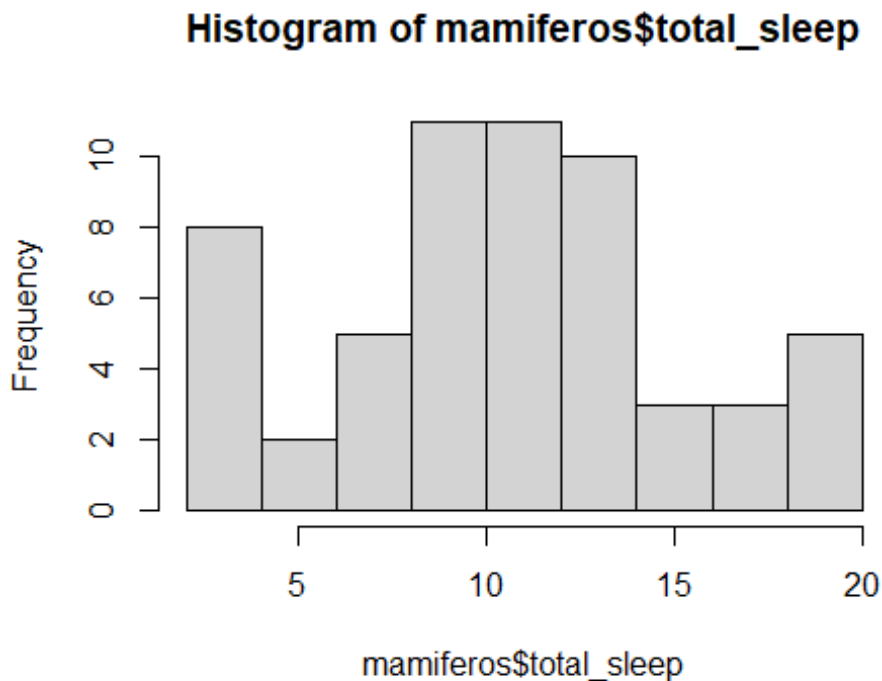
mean(trees.1$dbh)

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

## [1] NA

# Representación gráfica -----
--

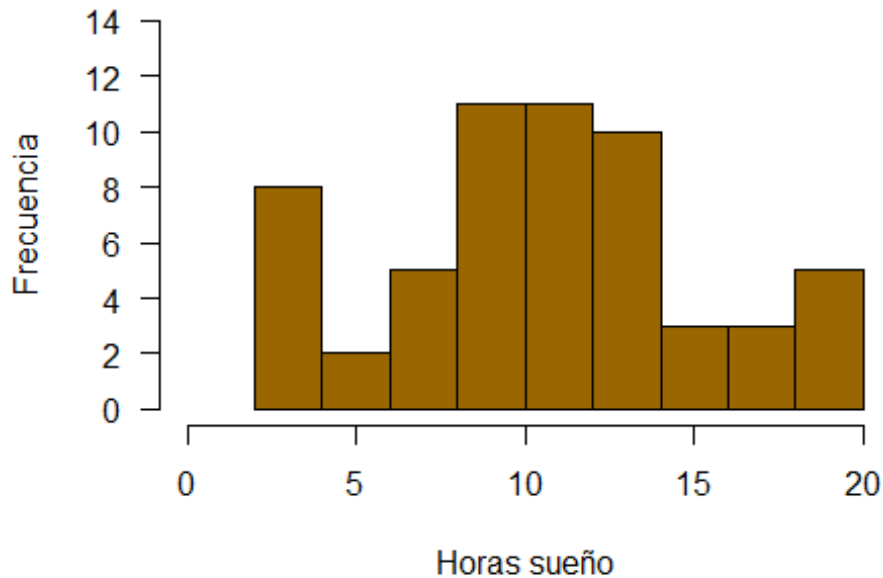
# Histogramas
mamiferos <- read.csv("https://www.openintro.org/data/csv/mammals.csv")
hist(mamiferos$total_sleep)
```



```
hist(mamiferos$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
```

Total de horas sueño de las 39 especies



Barplot o gráfico 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
```

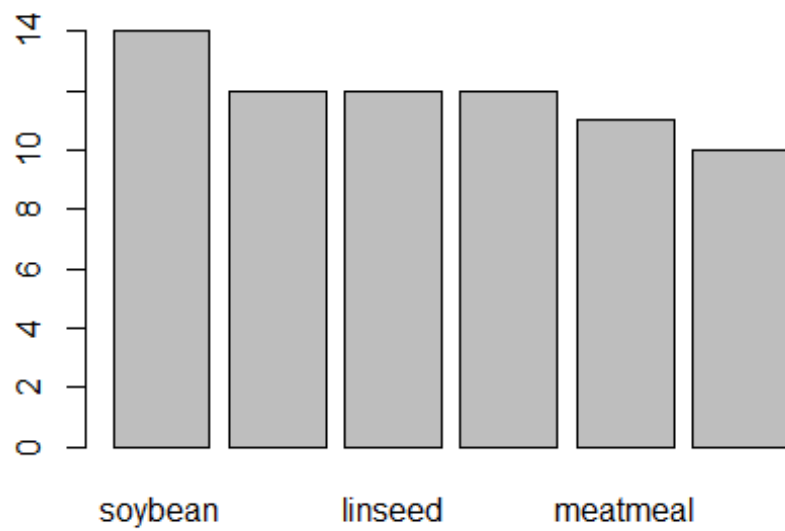
```
feeds <- table(chickwts$feed)
feeds
```

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

```
barplot(feeds)
```



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



```
# Autoevaluación
```

```
barplot(sort(feeds), horiz = TRUE,
        main = "Frecuencias por tipos de alimentación",
        las = 1, xlab = "Número de pollos",
        col = c("#FFA000", "#FFB300", "#FFC107", "#FFCA28", "#FFD54F",
        "#FFE082"))
```

