Introducción al entorno de programacón R y su aplicación en el análisis estadístico de datos

P. Agr. Ludwing Isaí Marroquín Jiménez

21 abr 2025

Tabla de contenidos

Introducción

La estadística clásica constituye un pilar esencial en la investigación científica y en la toma de decisiones fundamentadas en datos. Este manual ha sido elaborado para quienes se inician en el análisis estadístico, con el objetivo de introducir de manera gradual y comprensible las herramientas fundamentales del lenguaje R, ampliamente reconocido en la ciencia de datos y la estadística aplicada. A lo largo del texto, se abordan desde los conceptos básicos hasta técnicas más avanzadas, acompañando la teoría con ejemplos prácticos que facilitan la comprensión y la aplicación en contextos reales. El propósito central es ofrecer una base sólida que permita a los lectores utilizar R de forma efectiva en el análisis de datos, sin requerir experiencia previa en programación o estadística (Ihaka & Gentleman, 1996; R Core Team, 2023).

Propósito del manual

El manual está diseñado para guiar a personas principiantes en el uso de R, abarcando desde la instalación y configuración del entorno hasta la aplicación de técnicas estadísticas clásicas y modernas. Se exploran temas como la manipulación y visualización de datos, la gestión de proyectos, la exportación de resultados y la realización de análisis estadísticos descriptivos e inferenciales. Cada tema se desarrolla con ejemplos prácticos y ejercicios que permiten aplicar los conocimientos adquiridos en situaciones reales. Además, se enfatiza el uso de R como una herramienta de código abierto, destacando su flexibilidad, capacidad de extensión y su papel en la promoción de la reproducibilidad científica (Ihaka & Gentleman, 1996; R Core Team, 2023).

A lo largo del manual, se presentan las principales características de R y su entorno de desarrollo integrado, RStudio, resaltando su utilidad tanto en proyectos académicos como profesionales. El texto está dirigido a estudiantes, investigadores y profesionales interesados en adquirir competencias en programación estadística, priorizando la claridad, la organización y la reproducibilidad en los análisis.

Organización del manual

El contenido del manual se estructura de manera progresiva, iniciando con los aspectos más elementales y avanzando hacia herramientas y técnicas estadísticas de mayor complejidad. Cada sección incluye explicaciones detalladas, ejemplos prácticos y ejercicios diseñados para consolidar el aprendizaje. Asimismo, se incorporan recomendaciones y buenas prácticas que facilitan la asimilación de los conceptos y fomentan la reproducibilidad en los análisis realizados.

El manual se organiza en los siguientes capítulos principales:

1. **Introducción a R y RStudio:** En este capítulo se presentan los conceptos básicos de R y RStudio, incluyendo sus características principales, el proceso de instalación y configuración, así como la preparación del entorno de trabajo para el análisis de datos.
2. **Conceptos básicos de R:** Se abordan los fundamentos esenciales del lenguaje R, tales como los primeros pasos en la consola, la estructura de los datos, la importación de información, el uso de operadores, funciones y la gestión de paquetes.
3. **Manipulación de datos:** Este apartado introduce las técnicas fundamentales para la manipulación de datos en R, utilizando tanto las herramientas base del lenguaje como los paquetes dplyr y tidyr, permitiendo transformar, organizar y preparar los datos para su análisis.
4. **Visualización de datos:** Se exploran las distintas opciones para la visualización de datos, comenzando con las herramientas básicas de R y avanzando hacia la creación de gráficos personalizados mediante el paquete ggplot2, facilitando la interpretación y comunicación de los resultados.
5. **Gestión y exportación de resultados:** En este capítulo se explica cómo gestionar proyectos en R, exportar resultados de análisis, gráficos y tablas en formatos adecuados para su uso en informes y presentaciones, así como la integración con herramientas de control de versiones como Git y GitHub.
6. **Material de apoyo y referencias:** Se proporcionan recursos adicionales, materiales de consulta y referencias bibliográficas que permiten profundizar en el aprendizaje y la aplicación de R en distintos contextos.
7. **Ejemplos de análisis estadístico con R:** Finalmente, se desarrollan ejemplos detallados de análisis estadístico, incluyendo estadística descriptiva, regresión lineal simple y múltiple, mostrando la aplicación práctica de R en el análisis de datos reales.

Cada capítulo está diseñado para ser independiente, permitiendo que los lectores avancen a su propio ritmo y consulten las secciones según sus necesidades.

Pre requisitos

Este manual no requiere conocimientos previos en programación ni en análisis estadístico. Está diseñado específicamente para principiantes, por lo que se parte desde cero, explicando cada concepto de manera clara y detallada. Todo lo que se necesita es:

1. **Interés por aprender**: La curiosidad y disposición para explorar un nuevo lenguaje de programación.
2. **Acceso a una computadora**: Con capacidad para instalar R y RStudio, herramientas que se explican paso a paso en el manual.
3. **Paciencia y práctica**: Como cualquier habilidad nueva, aprender R requiere tiempo y dedicación. Los ejemplos y ejercicios incluidos están diseñados para facilitar este proceso.

Con este enfoque, cualquier persona, independientemente de su experiencia previa, podrá utilizar este manual como una guía para iniciarse en el análisis estadístico con R.

Software y convenciones

La versión en línea de este manual está disponible en https://introduccion-r-cete.vercel.app/, y la fuente en español se encuentra alojada en el repositorio de GitHub https://github.com/Ludwing-MJ/introduccion_R_CETE. El desarrollo del manual se realizó utilizando Quarto, una herramienta que permite transformar archivos con extensión .qmd en formatos publicables como HTML, PDF y EPUB, facilitando la integración de código, resultados y texto en un solo documento reproducible.

Durante la elaboración del manual se emplearon diversos paquetes del ecosistema de R, entre los que destacan knitr y bookdown, los cuales permiten combinar las ventajas de LaTeX y R para la generación de documentos dinámicos y reproducibles (Xie, 2015; Xie, 2024). Esta integración posibilita que los ejemplos de código y los resultados presentados sean fácilmente replicables por el lector.

A lo largo del manual, se presentan fragmentos de código que pueden ser copiados y ejecutados directamente en la consola de R para obtener los mismos resultados que se muestran en el texto. Los bloques de código se destacan en recuadros similares al siguiente:

```
4 + 6
a <- c(1, 5, 6)
5 * a
1:10
```

Los resultados generados por la ejecución de estos códigos se identifican con el numero uno encerrado entre cochetes (`[1]`) al inicio de cada línea, indicando que corresponden a la salida producida por R. Todo lo que comience con `[1]` representa resultados y no debe ser copiado como parte del código. Por ejemplo, al ejecutar el bloque anterior, se obtendrían los siguientes resultados:

```
[1] 10
```

```
[1]  5 25 30
```

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

Para garantizar la reproducibilidad y transparencia, se recomienda que el lector utilice versiones actualizadas de R y de los paquetes mencionados. La información sobre el entorno de desarrollo y las versiones de los paquetes utilizados en la construcción de este manual puede consultarse ejecutando el siguiente comando en R:

```
x <- 1:100
print(x)
```

```
  [1]   1   2   3   4   5   6   7   8   9  10  11  12  13  14  15  16  17  18
 [19]  19  20  21  22  23  24  25  26  27  28  29  30  31  32  33  34  35  36
 [37]  37  38  39  40  41  42  43  44  45  46  47  48  49  50  51  52  53  54
 [55]  55  56  57  58  59  60  61  62  63  64  65  66  67  68  69  70  71  72
 [73]  73  74  75  76  77  78  79  80  81  82  83  84  85  86  87  88  89  90
 [91]  91  92  93  94  95  96  97  98  99 100
```

```
devtools::session_info()
```

```
Warning in system2("quarto", "-V", stdout = TRUE, env = paste0("TMPDIR=", : el
comando ejecutado '"quarto"
TMPDIR=C:/Users/Usuario/AppData/Local/Temp/RtmpOUdTCQ/file46f0789b7ca -V' tiene
el estatus 1

- Session info -------------------------------------------------------------
 setting  value
 version  R version 4.4.2 (2024-10-31 ucrt)
 os       Windows 11 x64 (build 26100)
 system   x86_64, mingw32
 ui       RTerm
 language (EN)
 collate  Spanish_Guatemala.utf8
 ctype    Spanish_Guatemala.utf8
 tz       America/Guatemala
 date     2025-04-21
 pandoc   3.2 @ C:/Program Files/RStudio/resources/app/bin/quarto/bin/tools/ (via rmarkdo
 quarto   NA @ C:\\Users\\Usuario\\AppData\\Local\\Programs\\Quarto\\bin\\quarto.exe

- Packages -----------------------------------------------------------------
 package     * version date (UTC) lib source
 cachem        1.1.0   2024-05-16 [1] CRAN (R 4.4.2)
 cli           3.6.3   2024-06-21 [1] CRAN (R 4.4.2)
 devtools      2.4.5   2022-10-11 [1] CRAN (R 4.4.3)
 digest        0.6.37  2024-08-19 [1] CRAN (R 4.4.2)
 ellipsis      0.3.2   2021-04-29 [1] CRAN (R 4.4.3)
 evaluate      1.0.3   2025-01-10 [1] CRAN (R 4.4.2)
 fastmap       1.2.0   2024-05-15 [1] CRAN (R 4.4.2)
 fs            1.6.5   2024-10-30 [1] CRAN (R 4.4.2)
 glue          1.8.0   2024-09-30 [1] CRAN (R 4.4.2)
 htmltools     0.5.8.1 2024-04-04 [1] CRAN (R 4.4.2)
 htmlwidgets   1.6.4   2023-12-06 [1] CRAN (R 4.4.3)
 httpuv        1.6.15  2024-03-26 [1] CRAN (R 4.4.3)
 jsonlite      1.8.9   2024-09-20 [1] CRAN (R 4.4.2)
 knitr         1.49    2024-11-08 [1] CRAN (R 4.4.2)
 later         1.4.1   2024-11-27 [1] CRAN (R 4.4.3)
 lifecycle     1.0.4   2023-11-07 [1] CRAN (R 4.4.2)
 magrittr      2.0.3   2022-03-30 [1] CRAN (R 4.4.2)
```

```
 memoise       2.0.1   2021-11-26 [1] CRAN (R 4.4.2)
 mime          0.12    2021-09-28 [1] CRAN (R 4.4.0)
 miniUI        0.1.1.1 2018-05-18 [1] CRAN (R 4.4.3)
 pkgbuild      1.4.6   2025-01-16 [1] CRAN (R 4.4.3)
 pkgload       1.4.0   2024-06-28 [1] CRAN (R 4.4.3)
 profvis       0.4.0   2024-09-20 [1] CRAN (R 4.4.3)
 promises      1.3.2   2024-11-28 [1] CRAN (R 4.4.3)
 purrr         1.0.4   2025-02-05 [1] CRAN (R 4.4.2)
 R6            2.5.1   2021-08-19 [1] CRAN (R 4.4.2)
 Rcpp          1.0.14  2025-01-12 [1] CRAN (R 4.4.2)
 remotes       2.5.0   2024-03-17 [1] CRAN (R 4.4.3)
 rlang         1.1.5   2025-01-17 [1] CRAN (R 4.4.2)
 rmarkdown     2.29    2024-11-04 [1] CRAN (R 4.4.2)
 rstudioapi    0.17.1  2024-10-22 [1] CRAN (R 4.4.2)
 sessioninfo   1.2.3   2025-02-05 [1] CRAN (R 4.4.3)
 shiny         1.10.0  2024-12-14 [1] CRAN (R 4.4.3)
 urlchecker    1.0.1   2021-11-30 [1] CRAN (R 4.4.3)
 usethis       3.1.0   2024-11-26 [1] CRAN (R 4.4.3)
 vctrs         0.6.5   2023-12-01 [1] CRAN (R 4.4.2)
 xfun          0.50    2025-01-07 [1] CRAN (R 4.4.2)
 xtable        1.8-4   2019-04-21 [1] CRAN (R 4.4.3)

 [1] C:/Users/Usuario/AppData/Local/R/win-library/4.4
 [2] C:/Program Files/R/R-4.4.2/library
```

Parte I

Introducción a R y RStudio

1 Conceptos básicos de R

1.1 ¿Qué es R?

R es un lenguaje de programación y un entorno computacional ampliamente utilizado en el análisis estadístico, la visualización de datos y la investigación científica. Fue desarrollado por Ross Ihaka y Robert Gentleman en 1996 con el propósito de ofrecer una herramienta poderosa y flexible para realizar análisis reproducibles y visualizaciones de alta calidad (Ihaka & Gentleman, 1996). Desde su creación, R se ha consolidado como una de las herramientas más populares en las comunidades científica, académica y profesional.

1.1.1 Características principales de R

Especialización en análisis estadístico: R está diseñado para realizar análisis estadísticos complejos, desde pruebas básicas como t-tests y ANOVA hasta modelos avanzados como regresión y análisis multivariado.

Visualización de datos: Incluye herramientas para crear gráficos de alta calidad y personalizables. Con paquetes como `ggplot2`, es posible generar visualizaciones avanzadas que permiten explorar y comunicar patrones en los datos de manera efectiva.

Lenguaje de código abierto: R es un software de código abierto, lo que lo hace gratuito y accesible para todos. Esto fomenta la colaboración y el desarrollo continuo por parte de una comunidad global de usuarios y desarrolladores.

Extensibilidad mediante paquetes: R cuenta con una amplia colección de paquetes (más de 19,000 disponibles en CRAN hasta 2023) que amplían sus capacidades. Estos paquetes permiten realizar tareas específicas, como análisis genómico, minería de texto, modelado espacial y más (R Core Team, 2023).

Reproducibilidad: R promueve la investigación reproducible al permitir que los análisis se documenten en scripts, asegurando que los resultados puedan ser replicados por otros investigadores o por el mismo usuario en el futuro.

Interoperabilidad: R puede integrarse con otros lenguajes de programación como Python, C++ y SQL, y es compatible con múltiples formatos de datos, como CSV, Excel, JSON y bases de datos relacionales.

1.1.2 ¿Por qué es especial R?

R no solo es una herramienta para realizar cálculos estadísticos, sino que también es un entorno completo para la manipulación de datos, la creación de gráficos y la automatización de flujos de trabajo. Su flexibilidad y capacidad de personalización lo convierten en una opción ideal para investigadores, analistas de datos y profesionales de diversas disciplinas. Además, su comunidad activa desarrolla constantemente nuevos paquetes y recursos, manteniéndolo en constante evolución.

1.2 ¿Qué es RStudio?

RStudio es un Entorno de Desarrollo Integrado (IDE, por sus siglas en inglés) diseñado específicamente para trabajar con el lenguaje de programación R. Este entorno proporciona una interfaz amigable y herramientas avanzadas que optimizan el flujo de trabajo en R, facilitando tanto el análisis estadístico como la visualización de datos (Allaire et al., 2022).

1.2.1 Características principales de RStudio

1. **Interfaz intuitiva y organizada**: RStudio divide su interfaz en paneles que permiten acceder fácilmente a diferentes herramientas y funciones.
2. **Sistema de proyectos**: RStudio permite organizar el trabajo en proyectos, lo que facilita la gestión de archivos, scripts y datos relacionados con un análisis específico. Cada proyecto tiene su propio directorio de trabajo, lo que mejora la organización y la reproducibilidad.

3. **Compatibilidad con múltiples formatos**: RStudio soporta la importación y exportación de datos en diversos formatos, como CSV, Excel, html y bases de datos SQL. Además, permite trabajar con gráficos interactivos y aplicaciones web mediante paquetes como `shiny` y `plotly`.
4. **Integración con paquetes y extensiones**: RStudio facilita la instalación y el uso de paquetes de R, como `ggplot2` para gráficos, `dplyr` para manipulación de datos y `tidyr` para transformación de datos. También permite gestionar dependencias y actualizar paquetes de manera sencilla.
5. **Soporte multiplataforma**: RStudio está disponible para sistemas operativos Windows, macOS y Linux, lo que lo hace accesible para una amplia variedad de usuarios.
6. **Personalización y extensibilidad**: Los usuarios pueden personalizar la apariencia y el comportamiento de RStudio, como cambiar temas, atajos de teclado y configuraciones de paneles. Además, se pueden integrar herramientas externas, como Git para control de versiones.

1.2.2 Beneficios de usar RStudio

1. **Eficiencia**: Su diseño permite realizar tareas de análisis de datos de manera más rápida y organizada.
2. **Reproducibilidad**: Las herramientas integradas, como R Markdown y el sistema de proyectos, garantizan que los análisis puedan ser replicados fácilmente.
3. **Accesibilidad**: Su interfaz gráfica es ideal tanto para principiantes como para usuarios avanzados.
4. **Flexibilidad**: Permite trabajar con datos, gráficos, modelos estadísticos y aplicaciones interactivas en un solo entorno.

1.3 Reproducibilidad y replicabilidad en la investigación científica

La reproducibilidad y replicabilidad son pilares fundamentales de la investigación científica. Según Baker (2016), el 64% de los investigadores enfrenta dificultades para replicar estudios previos debido a una documentación insuficiente. Herramientas como Excel o Infostat suelen realizar cálculos en celdas ocultas y gráficos ajustados manualmente, lo que dificulta la replicación exacta de los análisis.

R permite documentar cada paso del análisis mediante scripts, asegurando que los procedimientos puedan ser replicados y reinterpretados en el futuro. Esto no solo mejora la transparencia y la credibilidad científica, sino que también optimiza el tiempo y los recursos al facilitar la reutilización de métodos en nuevos estudios.

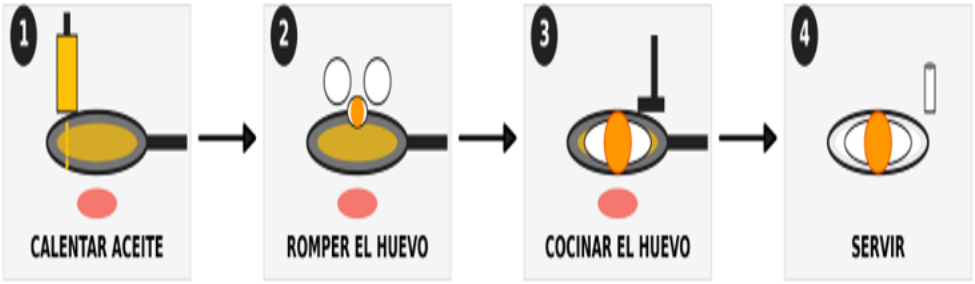


Figura 1.1: Un script en R es comparable a una receta, ya que permite seguir cada paso de manera estructurada para reproducir un análisis específico. Al igual que una receta puede ajustarse al cambiar los ingredientes, un script puede adaptarse para llevar a cabo un análisis distinto utilizando nuevos conjuntos de datos.

1.3.1 Reproducibilidad

La reproducibilidad se define como la capacidad de obtener los mismos resultados al emplear los mismos datos y métodos utilizados en un análisis original. Este concepto constituye un pilar fundamental en la investigación científica, ya que permite verificar y validar los hallazgos de un estudio. Según el informe de las National Academies of Sciences, Engineering, and Medicine (2019), la reproducibilidad asegura que los resultados puedan ser replicados por otros investigadores o incluso por el mismo autor en el futuro, siempre que se disponga de los datos y métodos originales.

Entre las principales características de la reproducibilidad se encuentran:

1. **Disponibilidad de los datos originales**: Es imprescindible que los datos empleados en el análisis estén accesibles para que otros puedan replicar el estudio.
2. **Documentación detallada de los métodos**: Los pasos, herramientas y configuraciones utilizadas deben estar claramente descritos para garantizar la repetición exacta del análisis.
3. **Resultados consistentes**: Al repetir el análisis con los mismos datos y procedimientos, los resultados obtenidos deben ser idénticos.

La reproducibilidad es esencial por varias razones:

1. **Fomenta la transparencia**: Permite que otros investigadores comprendan con precisión cómo se obtuvieron los resultados.
2. **Facilita la verificación**: Ayuda a identificar posibles errores o inconsistencias en el análisis original.
3. **Promueve la colaboración científica**: Proporciona una base sólida para que otros investigadores puedan construir sobre el trabajo existente, ampliando su alcance y aplicabilidad.

1.3.2 Replicabilidad

Por otro lado, la replicabilidad se refiere a la capacidad de obtener resultados consistentes al realizar un estudio similar en un contexto diferente, utilizando nuevos datos o métodos ligeramente modificados. Este concepto evalúa la generalización de los hallazgos y su aplicabilidad en diferentes escenarios. De acuerdo con las National Academies of Sciences, Engineering, and Medicine (2019), la replicabilidad es crucial para determinar la robustez y la aplicabilidad de los resultados científicos en nuevos contextos.

Las características clave de la replicabilidad incluyen:

1. **Uso de nuevos datos**: Los datos empleados en el nuevo estudio deben ser diferentes a los del análisis original, pero representar un contexto similar.
2. **Adaptación de los métodos**: Los procedimientos pueden ser ajustados o modificados para adaptarse a las características de los nuevos datos.
3. **Coherencia en los hallazgos**: Aunque los resultados no sean idénticos, deben ser consistentes con los obtenidos en el estudio original.

La replicabilidad aporta beneficios significativos, tales como:

1. **Evaluación de la generalización**: Permite determinar si los resultados del estudio original son aplicables en otros contextos o poblaciones.
2. **Refuerzo de la credibilidad científica**: Incrementa la confianza en los hallazgos al demostrar que no son producto de circunstancias específicas.
3. **Impulso al avance del conocimiento**: Facilita la exploración de nuevas aplicaciones o extensiones de los hallazgos originales, ampliando su impacto en la comunidad científica.

1.3.3 Beneficios de la adopción de R para la Ciencia

El uso de R en la investigación científica ofrece múltiples ventajas que contribuyen a la reproducibilidad y replicabilidad de los estudios:

1. **Transparencia**: El código generado en R es accesible para revisión por pares, lo que fomenta la transparencia en los análisis (The Turing Way Community, 2023).
2. **Eficiencia**: Los métodos desarrollados en R pueden ser reutilizados en nuevos estudios, optimizando recursos y tiempo (Gentleman & Temple Lang, 2007).
3. **Cumplimiento de principios FAIR**: El uso de R facilita la adherencia a los principios FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable), promoviendo una gestión adecuada de los datos científicos (Wilkinson et al., 2016).

2 Instalación y configuración

Antes de comenzar a trabajar con R y RStudio, es fundamental realizar la instalación y configuración de ambos programas. R es un lenguaje de programación y entorno computacional ampliamente utilizado en el análisis estadístico, la visualización de datos y la investigación reproducible (Ihaka & Gentleman, 1996). Por su parte, RStudio es un Entorno de Desarrollo Integrado (IDE, por sus siglas en inglés) diseñado específicamente para trabajar con R, proporcionando una interfaz amigable y herramientas avanzadas que optimizan el flujo de trabajo (Allaire et al., 2022). Esta sección detalla los pasos necesarios para descargar, instalar y configurar ambos programas, asegurando un entorno de trabajo funcional y eficiente.

2.1 Descarga de R y RStudio

Para utilizar R y RStudio, es necesario descargar ambos programas. Mientras que R proporciona el núcleo del lenguaje y las herramientas computacionales, RStudio actúa como una interfaz que simplifica su uso y mejora la experiencia del usuario.

2.1.1 Descarga de R

Es recomendable descargar una versión estable de R para evitar problemas de compatibilidad con paquetes que aún no han sido actualizados para las versiones más recientes. Por ejemplo, en este manual se utiliza la versión **R 4.4.2**, conocida por su estabilidad y amplio soporte (R Core Team, 2023).

El repositorio oficial de R se encuentra en el siguiente enlace: https://cran.r-project.org/bin/windows/base/old/. En esta página, se puede acceder a un directorio con todas las versiones de R disponibles. Para descargar una versión específica, basta con hacer clic en el nombre de la versión deseada. Esto abrirá un directorio con la documentación y los archivos correspondientes. El archivo que se debe descargar tiene una terminación **-win.exe**, y al hacer clic en él, se descargará automáticamente el instalador.

2.1.2 Descarga de RStudio

Para obtener RStudio, se debe visitar la página oficial de descargas de RStudio. En esta página, se puede descargar la versión más reciente de RStudio haciendo clic en el botón **"Download RStudio Desktop for Windows"**. Si el dispositivo utiliza un sistema operativo diferente a Windows, en la misma página se encuentran las versiones compatibles con otros sistemas operativos, como macOS y Linux (Allaire et al., 2022).

2.2 Instalación de R y RStudio

La instalación de R y RStudio debe realizarse en un orden específico para evitar conflictos y errores. A continuación, se describen los pasos detallados para cada programa:

2.2.1 Instalación de R

1. Una vez descargado el instalador de R, se debe ejecutar el archivo **.exe**.
2. Seguir las instrucciones proporcionadas por el asistente de instalación.
3. Durante el proceso, se pueden aceptar las configuraciones predeterminadas, a menos que se requiera una configuración personalizada.

2.2.2 Instalación de RStudio

1. Después de instalar R, se debe ejecutar el instalador de RStudio descargado previamente.
2. Al igual que con R, se pueden aceptar las configuraciones predeterminadas durante la instalación.

Es importante mencionar que en un mismo dispositivo pueden coexistir varias versiones de R. RStudio permite seleccionar cuál de estas versiones se utilizará en cada proyecto desde su configuración, lo que resulta útil para trabajar con proyectos que requieren versiones específicas del lenguaje (R Core Team, 2023).

2.3 Configuración inicial

Una vez instalados R y RStudio, es recomendable realizar una configuración inicial para optimizar el entorno de trabajo. Estas configuraciones permiten personalizar la experiencia del usuario, mejorar la organización y facilitar el desarrollo de análisis estadísticos. A continuación, se describen los pasos esenciales para configurar RStudio de manera eficiente.

2.3.1 Seleccionar la versión de R

RStudio permite elegir la versión de R que se utilizará, esto es especialmente útil si se tienen múltiples versiones instaladas en el mismo dispositivo. Esta funcionalidad garantiza la compatibilidad con proyectos que requieren versiones específicas del lenguaje (R Core Team, 2023). Para configurar la versión de R en RStudio, se deben seguir los siguientes pasos:

1. Ir a **Tools > Global Options > General**.
2. En el apartado **R version**, seleccionar la versión deseada de R.

2.3.2 Configurar la apariencia de RStudio

RStudio ofrece opciones de personalización para adaptar su apariencia a las preferencias del usuario, mejorando la experiencia de trabajo y reduciendo la fatiga visual durante sesiones prolongadas (Allaire et al., 2022). A continuación, se detallan las configuraciones principales:

2.3.2.1 Cambiar el tema de la interfaz

1. En la barra de menú, se debe seleccionar **Tools > Global Options**.
2. En la ventana emergente, se accede a la pestaña **Appearance**.
3. En esta sección, es posible elegir entre diferentes temas para la interfaz, como temas claros u oscuros. Por ejemplo, los temas oscuros como **Cobalt** son recomendables para reducir la fatiga visual.
4. También se pueden ajustar el tamaño y el tipo de fuente para facilitar la lectura del código, según las preferencias del usuario.

2.3.2.2 Configurar el panel de trabajo

La interfaz de RStudio está organizada en cuatro paneles principales: el editor de scripts, la consola, el entorno/archivos y los gráficos/ayuda. Estos paneles pueden reorganizarse según las necesidades del usuario para optimizar el flujo de trabajo. Los pasos para configurar los paneles son:

1. Desde la barra de menú, se selecciona **Tools > Global Options > Pane Layout**.
2. En esta sección, se ajusta la disposición de los paneles. Por ejemplo, se puede colocar el editor de scripts en la parte superior izquierda y la consola en la parte inferior para facilitar el acceso.
3. Guardar los cambios para aplicar la nueva disposición.

2.3.2.3 Habilitar el número de líneas en el editor de scripts

La numeración de líneas en el editor de scripts facilita la navegación y depuración del código. Para habilitar esta opción:

1. Se accede a **Tools > Global Options > Code > Display**.
2. En esta sección, se marca la casilla **Show line numbers** para activar la numeración de líneas.

2.4 Organización de proyectos

La organización de proyectos en RStudio es un aspecto clave para garantizar un flujo de trabajo eficiente, reproducible y bien estructurado. Una adecuada organización no solo facilita la gestión de archivos y scripts, sino que también mejora la colaboración y la reproducibilidad de los análisis. A continuación, se describen las mejores prácticas para organizar proyectos en RStudio.

2.4.1 Crear un proyecto en RStudio

RStudio permite crear proyectos para organizar de manera eficiente los archivos, datos y scripts relacionados con un análisis específico. Los pasos para crear un proyecto son los siguientes:

1. En la barra de menú, selecciona **File > New Project**.
2. Elige entre las opciones disponibles:
    a. **New Directory**: Crea un proyecto desde cero en una nueva carpeta.
    b. **Existing Directory**: Convierte una carpeta existente en un proyecto de RStudio.
    c. **Version Control**: Clona un repositorio de Git para trabajar en un proyecto versionado.
3. Configurar el nombre y la ubicación del proyecto.
4. Hacer clic en **Create Project** para finalizar la configuración.

El uso de proyectos en RStudio permite mantener una estructura clara y organizada, lo que facilita la gestión de los recursos necesarios para el análisis (Allaire et al., 2022).

2.4.2 Establecer un directorio de trabajo

El directorio de trabajo es la carpeta donde R buscará automáticamente los archivos y guardará los resultados generados durante el análisis. Para establecer el directorio de trabajo, se puede utilizar la función `setwd()` de la siguiente manera:

```
# Establecer directorio de trabajo
setwd("ruta/del/directorio")
```

Sin embargo, cuando se trabaja con proyectos en RStudio, el directorio de trabajo se configura automáticamente al abrir el archivo del proyecto, lo que elimina la necesidad de establecerlo manualmente. Esto mejora la reproducibilidad y evita errores relacionados con rutas incorrectas (R Core Team, 2023).

2.4.3 Uso de archivos `.Rproj`

El archivo **.Rproj** es el núcleo del proyecto en RStudio. Este archivo contiene las configuraciones específicas del proyecto, como el directorio de trabajo, las opciones de visualización y otros ajustes personalizados. Al abrir un archivo **.Rproj**, se cargará automáticamente el entorno de trabajo asociado, lo que facilita la continuidad en el desarrollo del análisis.

2.4.3.1 Beneficios de la organización de proyectos

La organización de proyectos en RStudio ofrece múltiples beneficios que impactan positivamente en la calidad y eficiencia del trabajo:

1. **Reproducibilidad**: Facilita que otros usuarios (o el propio usuario en el futuro) comprendan y reproduzcan el análisis, asegurando que los resultados sean consistentes.
2. **Eficiencia**: Reduce el tiempo perdido buscando archivos o configurando rutas manualmente, permitiendo un enfoque más directo en el análisis.
3. **Colaboración**: Mejora la comunicación y el trabajo en equipo al mantener una estructura clara y consistente, especialmente en proyectos compartidos.
4. **Optimización del flujo de trabajo**: La combinación de una apariencia personalizada y una estructura organizada permite al usuario enfocarse en el análisis de datos de manera más eficiente y profesional (Allaire et al., 2022).

Parte II

Conceptos básicos de R

3 Primeros pasos en R

Comenzar a trabajar con R y RStudio puede parecer un desafío al principio, pero con una guía clara y organizada, el proceso se vuelve mucho más accesible. Esta sección está diseñada para acompañar al usuario en sus primeros pasos dentro de este entorno de programación, abordando desde la creación de scripts hasta las mejores prácticas para organizar archivos y proyectos. Estas bases son esenciales para garantizar un flujo de trabajo eficiente, reproducible y bien estructurado.

Un script en RStudio no solo es un espacio para escribir código, sino también una herramienta clave para documentar y reproducir análisis de datos. Además, se introducirá el concepto de objetos en R, fundamentales para almacenar y manipular datos, junto con una descripción de los principales tipos de objetos (numéricos, texto, factores y lógicos). Este conocimiento inicial permitirá al usuario sentar las bases para realizar análisis estadísticos y visualizaciones de datos de manera efectiva.

3.1 Creación de scripts en RStudio

El primer paso para trabajar en RStudio es crear un script, que es un archivo donde se escribe y guarda el código que se ejecutará en R. Existen dos métodos principales para crear un script en RStudio:

1. **Manualmente:** En la barra de menú, seleccionar **File > New File > R Script**.
2. **Utilizando atajos de teclado:** Presionar la combinación de teclas **Ctrl + Shift + N** para crear un nuevo script de manera rápida.

Una vez creado, el script se convierte en el espacio de trabajo principal donde se desarrollarán los análisis y se documentarán los pasos realizados. Es importante guardar el script desde el inicio para evitar la pérdida de trabajo.

3.2 Guardado y organización de archivos

Guardar y organizar los archivos de manera adecuada es fundamental para mantener un flujo de trabajo eficiente y reproducible. Para guardar un script, se debe seleccionar la opción **"Save As..."** en la pestaña **"File"**, lo que permitirá elegir la ubicación y el nombre del archivo. Se recomienda seguir estas prácticas:

1. **Nombres descriptivos y consistentes**: Utilizar nombres que describan claramente el contenido del archivo. Por ejemplo:

   Para scripts: `analisis_rendimiento.R` o `2023-10-15_analisis_maiz.R`.

   Para datos: `datos_suelo_2023.csv` o `resultados_finales.xlsx`.

2. **Evitar espacios y caracteres especiales**: Los nombres de los archivos no deben incluir espacios ni caracteres especiales, ya que esto puede generar errores en R. En su lugar, se recomienda usar guiones bajos (_) o guiones medios (-). Por ejemplo:

   En lugar de `analisis suelo.R`, usar `analisis_suelo.R`.

3. **Incluir fechas en un formato estandarizado**: Incorporar fechas en el formato **YYYY-MM-DD** ayuda a identificar rápidamente versiones o actualizaciones. Por ejemplo: `2023-10-15_importacion_datos.R`.

3.3 Organización de proyectos y directorios

La organización adecuada de los archivos en carpetas específicas para cada proyecto es esencial para garantizar un flujo de trabajo ordenado. Si se utiliza un archivo de proyecto **.Rproj**, este configurará automáticamente el directorio de trabajo, lo que facilita la gestión de los archivos relacionados. Se recomienda:

Crear una carpeta específica para cada proyecto: Agrupar todos los elementos relacionados con un proyecto (scripts, datos, resultados) en una sola carpeta.

3.3.1 Recomendaciones para la organización de archivos

La organización de archivos en RStudio es comparable a mantener una cocina bien ordenada: separar los utensilios, ingredientes y especias en lugares específicos facilita el trabajo y evita errores. Para lograrlo, se sugieren las siguientes prácticas:

1. **Estandarizar nombres de archivos**: Usar nombres descriptivos, evitar caracteres especiales y seguir un formato uniforme.
2. **Documentar los pasos del análisis**: Incluir comentarios en los scripts para explicar cada paso del análisis.
3. **Utilizar proyectos de RStudio**: Crear un archivo **.Rproj** para cada proyecto, lo que asegura que el entorno de trabajo esté configurado correctamente.
4. **Realizar copias de seguridad**: Guardar versiones importantes de los archivos en un repositorio de control de versiones (como Git) o en una ubicación segura.

3.4 Introducción a los objetos en R

En R, todo se maneja como un objeto, lo que significa que cualquier dato o estructura que se utilice en este lenguaje se representa como un objeto. Un objeto es una entidad que almacena información y tiene atributos como nombre, tipo y, en algunos casos, dimensiones. Los objetos son fundamentales para trabajar en R, ya que permiten almacenar, manipular y analizar datos de manera eficiente (R Core Team, 2023).

3.4.1 Creación de objetos en R

Para crear un objeto en R, se utiliza un operador de asignación, que puede ser `=` o `<-`. Sin embargo, el uso de `<-` es el estándar recomendado en la comunidad de R, ya que mejora la legibilidad del código y sigue las convenciones establecidas (Ihaka & Gentleman, 1996). Por ejemplo, para asignar el valor 10 a un objeto llamado `x`, se puede escribir:

```
# Creación del primer objeto en R
x <- 10
```

El operador `<-` indica que el valor a la derecha se asigna al nombre del objeto a la izquierda. Este enfoque es especialmente útil para mantener un código claro y organizado.

3.5 Tipos de objetos en R

En R, los objetos pueden clasificarse en diferentes tipos según el tipo de datos que almacenan. Los principales tipos de objetos son: numéricos, texto, factores y lógicos. A continuación, se describen en detalle cada uno de ellos.

3.5.1 Objetos Numéricos

Los objetos numéricos almacenan datos como números enteros o decimales. Son esenciales para representar variables cuantitativas, como edad, altura o peso. En R, los números se manejan como valores de punto flotante por defecto, lo que significa que incluso los enteros se tratan como números decimales.

Ejemplo de creación de objetos numéricos:

```
# Creación de objetos numéricos
edad <- 21
altura_m <- 1.70
peso_lb <- 150
```

Nota importante: En R, el símbolo numeral (`#`) se utiliza para incluir comentarios dentro del código. Las líneas que comienzan con este símbolo no son ejecutadas por el programa. Los comentarios son útiles para documentar el código, explicar pasos específicos y facilitar su comprensión tanto para otros usuarios como para el propio autor en el futuro.

3.5.2 Objetos de Texto

Los objetos de texto, también conocidos como objetos de tipo carácter, almacenan cadenas de texto. Estos se escriben entre comillas dobles (") o simples ('). Son útiles para representar información cualitativa, como nombres, descripciones o etiquetas.

Ejemplo de creación de objetos de texto:

```
# Creación de objetos tipo carácter
nombre <- "Juan"
color_favorito <- "azul"
```

Los objetos de texto son fundamentales para trabajar con datos categóricos o descriptivos, como nombres de variables, etiquetas de gráficos o valores de texto en bases de datos.

3.5.3 Objetos de Tipo Factor

Los objetos de tipo factor se utilizan para almacenar variables categóricas con niveles definidos. Estos niveles representan categorías discretas, como escalas, estados o clasificaciones. Los factores son especialmente útiles en análisis estadísticos, ya que permiten manejar variables categóricas de manera eficiente.

Ejemplo de creación de objetos tipo factor:

```
# Creación de objetos tipo factor
estado_civil <- factor("soltero")
sexo <- factor("masculino")
```

En este ejemplo, `estado_civil` y `sexo` son factores con un único nivel. Los factores también pueden tener múltiples niveles, que se definen explícitamente al crearlos. Por ejemplo:

```
# Creación de un factor con múltiples niveles
estado_civil <- factor("soltero", levels = c("soltero", "casado", "divorciado"))
sexo <- factor("masculino", levels = c("masculino", "femenino"))
```

3.5.4 Objetos Lógicos

Los objetos lógicos almacenan valores de tipo `TRUE` o `FALSE`, que resultan de comparaciones lógicas. Estos objetos son esenciales para realizar análisis condicionales, aplicar filtros y evaluar expresiones booleanas.

Ejemplo de creación de objetos lógicos:

```
# Creación de objetos lógicos
mayoria_de_edad <- edad >= 18
mayoria_de_edad
```

```
[1] TRUE
```

En este caso, la comparación `edad >= 18` evalúa si el valor de `edad` es mayor o igual a 18. El resultado (`TRUE` o `FALSE`) se almacena en el objeto `mayoria_de_edad`.

Los objetos lógicos son ampliamente utilizados en tareas como la selección de datos, la creación de condiciones en bucles y la evaluación de reglas en análisis estadísticos.

3.6 Conclusión

Los objetos son la base del trabajo en R, ya que permiten almacenar y manipular datos de manera estructurada y eficiente. Comprender los diferentes tipos de objetos y cómo crearlos es un paso esencial para aprovechar al máximo las capacidades de este lenguaje. Desde datos numéricos hasta factores y valores lógicos, cada tipo de objeto tiene aplicaciones específicas que facilitan el análisis estadístico y la visualización de datos (R Core Team, 2023; Ihaka & Gentleman, 1996).

4 Estructuras de datos en R

Las estructuras de datos constituyen la base fundamental para el trabajo estadístico y científico en R, ya que permiten organizar, almacenar y manipular información de manera sistemática y eficiente. Gracias a estas estructuras, es posible gestionar desde datos simples, como valores individuales, hasta conjuntos complejos y heterogéneos, adaptándose a las necesidades de distintos tipos de análisis. El dominio de las estructuras de datos facilita la realización de operaciones estadísticas, la transformación de información y la generación de visualizaciones precisas. En R, las principales estructuras de datos incluyen los vectores, matrices, data frames y listas, cada una diseñada para resolver problemas específicos y optimizar el flujo de trabajo en el análisis de datos (R Core Team, 2023).

4.1 Vectores

Los vectores representan la estructura de datos más fundamental en R, actuando como bloques de construcción para estructuras más complejas como matrices y data frames. Un vector se define como una secuencia ordenada de elementos del mismo tipo (numérico, texto, lógico), organizados de manera unidimensional. Esta característica de homogeneidad en el tipo de datos garantiza la eficiencia y consistencia en las operaciones analíticas (Ihaka & Gentleman, 1996).

4.1.1 Tipos de Vectores y su Creación

En R, la función `c()` (concatenar) es la herramienta principal para crear vectores. Esta función permite combinar elementos individuales o incluso otros vectores. Los tipos más comunes de vectores incluyen:

```
# Vectores numéricos
edades <- c(17, 20, 18, 25)          # Enteros
alturas <- c(1.75, 1.68, 1.82, 1.65) # Decimales

# Vectores de texto (character)
nombres <- c("Juan", "Ana", "Luis", "María")

# Vectores lógicos
# Creados usando la función c()
mayores_de_edad <- c(FALSE, TRUE, TRUE, TRUE)
# O mediante una comparación empleando operadores lógicos
mayores_de_edad <- edades >= 18
```

En estos ejemplos:

1. El vector `edades` almacena valores numéricos.
2. El vector `nombres` contiene cadenas de texto.
3. El vector `mayores_de_edad` almacena valores lógicos (`TRUE` o `FALSE`) que resultan de una comparación lógica.

Nota importante: R convertirá automáticamente todos los elementos al tipo más general si se intentan combinar diferentes tipos de datos en un mismo vector. Por ejemplo:

```
# Mezcla de números y texto
vector_mixto <- c(1, 2, "tres")
# R convertirá todo a texto: "1" "2" "tres"
```

4.1.2 Operaciones con Vectores

Los vectores en R permiten realizar una amplia variedad de operaciones matemáticas, lógicas y de manipulación de datos. Estas operaciones son fundamentales para el análisis estadístico y la transformación de datos. A continuación, se describen algunas de las operaciones más comunes:

4.1.2.1 Acceso a elementos específicos

Se pueden acceder a elementos individuales de un vector utilizando índices entre corchetes (`[]`). Los índices en R comienzan en 1.

```
# Acceder a elementos individuales
primer_nombre <- nombres[1]    # "Juan"
ultima_edad <- edades[4]       # 25

# Acceder a múltiples elementos
nombres_seleccionados <- nombres[c(1, 3)]  # "Juan" "Luis"
```

En este ejemplo, `edades[1]` devuelve el primer elemento del vector `edades`, que es `17`.

4.1.2.2 Filtrado de elementos

Es posible filtrar elementos de un vector aplicando condiciones lógicas. Esto resulta útil para seleccionar subconjuntos de datos.

```
# Filtrar personas mayores de 20 años
mayores_20 <- edades[edades > 20]

# Obtener nombres de personas mayores de 20
nombres_mayores_20 <- nombres[edades > 20]
```

En este caso, la condición `edades > 20` devuelve un vector con los valores que cumplen la condición, es decir, las edades mayores a 20.

4.1.2.3 Combinación de vectores

Los vectores pueden combinarse para crear nuevos vectores utilizando la función concatenar `c()`.

```
# Combinar dos vectores
nuevo_vector <- c(edades, c(22, 21))
nuevo_vector
```

```
[1] 17 20 18 25 22 21
```

Aquí, el vector `nuevo_vector` combina los elementos del vector `edades` con los valores 22 y 21, generando un nuevo vector.

4.1.2.4 Funciones Útiles para Vectores

R proporciona numerosas funciones para analizar y manipular vectores:

```
# Estadísticas básicas
promedio_edades <- mean(edades)       # Media
edad_maxima <- max(edades)            # Valor máximo
edad_minima <- min(edades)            # Valor mínimo
total_elementos <- length(edades)      # Número de elementos

# Ordenamiento
edades_ordenadas <- sort(edades)      # Orden ascendente
edades_descendente <- sort(edades, decreasing = TRUE)  # Orden descendente
```

4.1.2.5 Aplicaciones Prácticas

Los vectores son fundamentales en análisis estadísticos básicos:

```
# Análisis descriptivo
summary(edades)  # Resumen estadístico
```

```
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  17.00   17.75   19.00   20.00   21.25   25.00
```

```
table(mayores_de_edad)  # Tabla de frecuencias
```

```
mayores_de_edad
FALSE  TRUE
    1     3
```

```r
hist(edades)  # Histograma de edades
```

Esta estructura básica permite realizar análisis preliminares de datos y sirve como fundamento para operaciones más complejas en R. La comprensión sólida de los vectores es esencial para avanzar hacia estructuras de datos más sofisticadas y análisis estadísticos más elaborados.

4.2 Matrices

Las matrices en R son estructuras de datos bidimensionales que permiten almacenar información organizada en filas y columnas, donde todos los elementos deben ser del mismo tipo, ya sea numérico, lógico o de texto. Esta homogeneidad garantiza que las operaciones matemáticas y estadísticas se realicen de manera eficiente y sin ambigüedades. Las matrices resultan especialmente útiles en el análisis estadístico y científico, ya que muchos algoritmos y procedimientos requieren datos estructurados en dos dimensiones para su procesamiento (Ihaka & Gentleman, 1996).

A diferencia de los vectores, que solo permiten una dimensión (una sola fila o columna), las matrices ofrecen una organización más compleja y flexible, facilitando la representación de tablas de datos, resultados de experimentos, o la manipulación de grandes volúmenes de información en análisis multivariados. Por ejemplo, una matriz puede utilizarse para almacenar los resultados de mediciones repetidas en diferentes sujetos o para representar coeficientes en modelos matemáticos.

4.2.1 Creación de Matrices

En R, la función principal para crear matrices es `matrix()`. Esta función permite definir el conjunto de elementos, así como el número de filas (`nrow`) y columnas (`ncol`) que tendrá la matriz. Es importante que la cantidad total de elementos coincida con el producto de filas por columnas; de lo contrario, R reciclará los valores para completar la matriz, lo que puede llevar a resultados inesperados si no se verifica cuidadosamente.

```
# 1. Creación de una matriz de 3 filas y 2 columnas
matriz <- matrix(1:6, nrow = 3, ncol = 2)
print(matriz)
```

```
     [,1] [,2]
[1,]    1    4
[2,]    2    5
[3,]    3    6
```

```
# 2. Creación de una matriz de caracteres
matriz_caracteres <- matrix(c("A", "B", "C", "D"), nrow = 2, ncol = 2)
print(matriz_caracteres)
```

```
     [,1] [,2]
[1,] "A"  "C"
[2,] "B"  "D"
```

En el primer ejemplo, la matriz llamada `matriz` almacena números enteros distribuidos en tres filas y dos columnas. En el segundo ejemplo, la matriz `matriz_caracteres` contiene cadenas de texto, también organizadas en filas y columnas.

4.2.2 Manipulación de Matrices

Las matrices en R permiten realizar una amplia variedad de operaciones matemáticas y de manipulación de datos. Estas operaciones son fundamentales para el análisis estadístico y la transformación de datos. A continuación, se describen algunas de las operaciones más comunes:

4.2.2.1 Acceso a Elementos Específicos

Para extraer un elemento concreto de una matriz, se utilizan corchetes indicando primero la fila y luego la columna, siguiendo la sintaxis `[fila, columna]`. Es importante recordar que en R la indexación comienza en 1.

```
# Acceder al elemento en la segunda fila y primera columna
elemento <- matriz[2, 1]
print(elemento)  # Imprime 2
```

```
[1] 2
```

En este caso, `matriz[2, 1]` selecciona el valor ubicado en la segunda fila y primera columna de la matriz, que corresponde al número 2.

4.2.2.2 Combinación de Matrices

R permite unir matrices para crear estructuras más grandes, utilizando las funciones `rbind()` para agregar filas y `cbind()` para agregar columnas. Esto es útil cuando se desea consolidar datos provenientes de diferentes fuentes o experimentos.

```
# Crear una segunda matriz
matriz2 <- matrix(7:12, nrow = 3, ncol = 2)

# Combinar ambas matrices por filas
matriz_combinada <- rbind(matriz, matriz2)

# Resultado:
print(matriz_combinada)
```

```
     [,1] [,2]
[1,]    1    4
[2,]    2    5
[3,]    3    6
[4,]    7   10
[5,]    8   11
[6,]    9   12
```

En este ejemplo, `matriz_combinada` contiene las filas de ambas matrices, una debajo de la otra, formando una nueva matriz de mayor tamaño.

Advertencia importante: Todas las columnas de una matriz deben ser del mismo tipo de dato. Si se intenta combinar datos de diferentes tipos (por ejemplo, números y texto), R convertirá todos los elementos al tipo más general, lo que puede alterar la interpretación de los datos. Por ello, se recomienda verificar la consistencia de los tipos de datos antes de crear o manipular matrices.

4.2.3 Aplicaciones y referencia para álgebra matricial

Las matrices son ampliamente utilizadas en operaciones de álgebra lineal, como multiplicación de matrices, cálculo de determinantes, inversas y descomposiciones, que son esenciales en modelos estadísticos avanzados y análisis multivariados. Para profundizar en el uso de matrices y su aplicación en el análisis estadístico con R, se recomienda consultar el capítulo 20 del libro Modelos de Regresión con R de Hernández, Usuga y Mazo (2024), donde se aborda el álgebra matricial de manera detallada y aplicada.

4.3 *Data frames*

El data frame es una de las estructuras de datos más importantes y versátiles en R. Se trata de una tabla bidimensional que organiza la información en filas y columnas, de manera similar a una hoja de cálculo de Excel o a una tabla en una base de datos relacional. En un data frame, cada columna corresponde a una variable y está compuesta por un vector, mientras que cada fila representa una observación o caso individual (R Core Team, 2023).

Una característica fundamental de los data frames es que cada columna puede contener un tipo de dato diferente, como números, texto (caracteres), valores lógicos o factores. Esta flexibilidad permite almacenar y analizar datos heterogéneos de manera eficiente, lo que resulta especialmente útil en contextos como encuestas, experimentos científicos, registros administrativos o cualquier conjunto de datos estructurados. Además, son compatibles con una amplia variedad de funciones y paquetes en R, lo que los convierte en la estructura más utilizada en este lenguaje (Wickham & Grolemund, 2017).

4.3.1 Creación de data frames

Para crear un data frame en R, se utiliza la función `data.frame()`, que combina varios vectores de igual longitud. Es importante que todos los vectores tengan la misma cantidad de elementos, ya que cada fila del data frame representa una observación completa. A continuación, se presenta un ejemplo usando los vectores creados en la sección anterior:

```
# Creación de un data frame con vectores
datos <- data.frame(nombres,  edades,  mayores_de_edad)

# Visualización del data frame
datos
```

```
  nombres edades mayores_de_edad
1    Juan     17           FALSE
2     Ana     20            TRUE
3    Luis     18            TRUE
4   María     25            TRUE
```

En este ejemplo, el data frame `datos` contiene tres columnas:

1. La columna `nombres` contiene texto.
2. La columna `edades` almacena valores numéricos.
3. La columna `mayores_de_edad` contiene valores lógicos (`TRUE` o `FALSE`).

4.3.2 Ventajas de un data frame

Los *data frames* ofrecen múltiples ventajas que los hacen indispensables para el análisis de datos en R:

1. **Estructura clara**: Cada fila representa una observación y cada columna una variable, lo que facilita la interpretación de los datos.
2. **Compatibilidad**: Son compatibles con funciones estadísticas y de visualización, así como con paquetes populares como `ggplot2` y `dplyr`.
3. **Flexibilidad**: Permiten almacenar diferentes tipos de datos en columnas, como números, texto y factores.
4. **Facilidad de manipulación:** Existen numerosas funciones y herramientas para filtrar, seleccionar, transformar y resumir la información contenida en un data frame.

4.3.3 Manipulación de data frames

R proporciona diversas formas de manipular data frames, tanto con funciones básicas como con herramientas avanzadas de paquetes especializados. A continuación, se describen algunas operaciones comunes:

4.3.3.1 Acceso a columnas

Para acceder a una columna específica, se utiliza el operador `$` seguido del nombre de la columna:

```
# Acceso a la columna 'nombres'
datos$nombres
```

```
[1] "Juan"  "Ana"   "Luis"  "María"
```

Esto devuelve el vector correspondiente a la columna seleccionada.

4.3.3.2 Filtrado de filas

Es posible seleccionar filas que cumplan ciertas condiciones lógicas. Por ejemplo, para obtener solo las observaciones donde la edad es mayor a 20:

```
# Filtrar filas donde la edad sea mayor a 20
datos_filtrados <- datos[datos$edades > 20, ]
datos_filtrados
```

```
  nombres edades mayores_de_edad
4   María     25            TRUE
```

En este caso, `datos_filtrados` contendrá únicamente las filas donde la condición se cumple.

4.3.4 Otras operaciones comunes

Además de acceder y filtrar datos, los data frames permiten realizar muchas otras operaciones útiles para el análisis y la organización de la información. A continuación se explican algunas de las más frecuentes, acompañadas de ejemplos y explicaciones paso a paso.

4.3.4.1 Agregar nuevas columnas

Es posible añadir nuevas variables a un data frame simplemente asignando un vector a un nuevo nombre de columna. Por ejemplo, si se desea agregar la altura de cada persona al data frame `datos`, se puede hacer de la siguiente manera:

```
# Agregar una columna llamada 'altura' al data frame
datos$altura <- c(1.75, 1.60, 1.80, 1.65)
```

Después de esta operación, el data frame `datos` tendrá una columna adicional llamada `altura`, donde cada valor corresponde a la altura de la persona en la misma fila.

4.3.4.2 Seleccionar varias columnas

En ocasiones, es útil trabajar solo con un subconjunto de las columnas del data frame, por ejemplo, para enfocar el análisis en ciertas variables. La función `subset()` permite crear un nuevo data frame que contiene únicamente las columnas seleccionadas:

```
# Crear un nuevo data frame solo con las columnas 'nombres' y 'edades'
subgrupo <- subset(datos, select = c(nombres, edades))
```

En este ejemplo, el objeto `subgrupo` contendrá únicamente las columnas `nombres` y `edades` del data frame original.

4.3.4.3 Resumir información

Para obtener una visión general rápida de los datos, R ofrece la función `summary()`, que genera un resumen estadístico de cada columna del data frame:

```
# Obtener un resumen estadístico de todas las columnas del data frame
summary(datos)
```

```
   nombres              edades      mayores_de_edad     altura
 Length:4           Min.   :17.00   Mode :logical   Min.   :1.600
 Class :character   1st Qu.:17.75   FALSE:1         1st Qu.:1.637
 Mode  :character   Median :19.00   TRUE :3         Median :1.700
                    Mean   :20.00                   Mean   :1.700
                    3rd Qu.:21.25                   3rd Qu.:1.762
                    Max.   :25.00                   Max.   :1.800
```

El resultado mostrará, para cada columna, información relevante como el valor mínimo, máximo, media, mediana y, en el caso de variables de texto o lógicas, la frecuencia de cada categoría. Esta función es muy útil para explorar y comprender la estructura de los datos antes de realizar análisis más detallados.

4.4 Listas

Las listas en R son estructuras de datos sumamente flexibles y potentes, ya que permiten almacenar elementos de diferentes tipos y longitudes dentro de un mismo objeto. A diferencia de los data frames, donde todas las columnas deben tener la misma longitud y cada columna representa una variable, en una lista cada elemento puede ser un vector, un data frame, una matriz, una función, o incluso otra lista. Esta característica hace que las listas sean ideales para guardar resultados complejos, como salidas de modelos estadísticos, colecciones de datos heterogéneos o cualquier conjunto de información que no encaje en una estructura tabular tradicional (R Core Team, 2023).

4.4.1 Creación de listas

Para crear una lista en R, se utiliza la función `list()`, donde cada elemento puede tener un nombre y puede ser de cualquier tipo. Por ejemplo:

```
# Crear una lista con diferentes tipos de elementos
mi_lista <- list(
  nombres = c("Juan", "Ana"),      # Vector de texto
  edades = c(18, 20),              # Vector numérico
  datos_completos = datos          # Data frame
)
```

En este ejemplo, la lista `mi_lista` contiene tres elementos:

1. El elemento `nombres` es un vector de texto.
2. El elemento `edades` es un vector numérico.
3. El elemento `datos_completos` es un *data frame*.

Cada elemento de la lista puede tener un nombre, lo que facilita su identificación y acceso posterior.

4.4.2 Acceso a elementos de una lista

Los elementos de una lista pueden accederse mediante su nombre o índice:

1. **Por nombre**: Utilizando el operador `$` o corchetes dobles `[[ ]]`

```
# Acceder al elemento 'nombres' usando $
mi_lista$nombres
```

```
[1] "Juan" "Ana"
```

```
# Acceder al elemento 'nombres' usando corchetes dobles
mi_lista[["nombres"]]
```

```
[1] "Juan" "Ana"
```

Ambas formas devuelven el vector de nombres almacenado en la lista.

2. **Por índice**: Utilizando corchetes dobles `[[ ]]`:

```
# Acceder al primer elemento de la lista (en este caso, el vector de nombres)
mi_lista[[1]]
```

```
[1] "Juan" "Ana"
```

Esto es útil cuando se desconoce el nombre del elemento, pero se conoce su posición dentro de la lista.

Advertencia importante: Si se utilizan corchetes simples `[ ]` para acceder a un elemento de la lista, el resultado será una sublista (es decir, una lista que contiene el elemento seleccionado), no el elemento en sí. Para obtener directamente el contenido, siempre utilice corchetes dobles `[[ ]]` o el operador `$` si el elemento tiene nombre.

```
# Devuelve una sublista
mi_lista[1]
```

```
$nombres
[1] "Juan" "Ana"
```

```
# Devuelve el elemento directamente
mi_lista[[1]]
```

```
[1] "Juan" "Ana"
```

4.4.3 Aplicaciones prácticas

Las listas en R resultan especialmente valiosas cuando se requiere almacenar y organizar resultados complejos derivados de análisis estadísticos. Por ejemplo, al ajustar un modelo de regresión, la función `lm()` devuelve una lista que contiene los coeficientes estimados, los residuos, los valores ajustados y otros diagnósticos relevantes. Esta estructura permite acceder fácilmente a cada componente del análisis para su interpretación o procesamiento posterior (R Core Team, 2023).

Además, las listas son ideales para agrupar diferentes tipos de datos relacionados en un solo objeto, como vectores, data frames, matrices o incluso otras listas. Esta capacidad de contener elementos heterogéneos facilita la gestión de información en proyectos de análisis de datos, donde es común trabajar con resultados de distintas etapas o fuentes (Wickham & Grolemund, 2017).

4.5 Comparación entre *Data Frames* y Listas

En R, los data frames y las listas son estructuras de datos esenciales, pero se diferencian en su organización y aplicaciones. Los data frames están diseñados para almacenar datos tabulares, donde cada columna puede contener un tipo de dato distinto y cada fila representa una observación, lo que los hace ideales para análisis estadísticos y visualización de datos estructurados. Por otro lado, las listas permiten almacenar elementos de cualquier tipo y longitud, lo que proporciona flexibilidad para manejar resultados complejos o heterogéneos, como salidas de modelos, pruebas estadísticas o combinaciones de diferentes estructuras de datos.

La siguiente tabla resume las diferencias principales:

Característica	**Data Frame**	**Lista**
Estructura	Tabular (filas y columnas)	Colección de objetos heterogéneos
Tipos de datos	Columnas con tipos diferentes	Elementos de cualquier tipo
Uso principal	Análisis estadístico y visualización	Almacenamiento de resultados complejos
Acceso a elementos	Por columnas o índices	Por nombres o índices

La elección entre ambas estructuras depende del tipo de información y del objetivo del análisis. Para datos tabulares, como encuestas o resultados experimentales, se recomienda el uso de data frames. En cambio, para almacenar y manipular resultados complejos o combinaciones de diferentes tipos de datos, las listas resultan más apropiadas (R Core Team, 2023; Wickham & Grolemund, 2017).

5 Importación de datos

La importación de datos es uno de los primeros pasos esenciales en cualquier análisis estadístico. R ofrece diversas herramientas y funciones para importar datos desde diferentes fuentes, como archivos CSV, Excel o páginas web en formato HTML. La capacidad de importar datos de manera eficiente y reproducible permite trabajar con grandes volúmenes de información de forma sistemática (R Core Team, 2023).

5.1 Configuración inicial

Antes de importar datos, es importante asegurarse de que el directorio de trabajo esté correctamente configurado. Cuando se trabaja con proyectos de RStudio (`.Rproj`), el directorio se configura automáticamente. Sin embargo, para scripts independientes, se puede establecer el directorio usando la función `setwd()`:

```
# Establecer directorio de trabajo
setwd("ruta/del/directorio")
```

5.2 Directorio de trabajo o *Working Directory*

El directorio de trabajo en R es el "punto de partida" desde donde el software buscará automáticamente los archivos necesarios (como datos y scripts) y guardará los resultados generados. Establecer correctamente el directorio de trabajo es esencial para garantizar la organización, la reproducibilidad y la eficiencia del análisis, especialmente cuando se trabaja con scripts independientes que no forman parte de un proyecto en RStudio. Si no se configura adecuadamente, se corre el riesgo de enfrentar errores como "archivo no encontrado" o de que el código deje de funcionar al mover el proyecto a otra ubicación o computadora (R Core Team, 2023).

5.2.1 Razones para establecer un directorio de trabajo

Configurar un directorio de trabajo adecuado ofrece múltiples beneficios:

1. **Reproducibilidad:** Permite que el código funcione en cualquier computadora sin depender de rutas absolutas como `C:/Usuario/MiPC/...`. Esto asegura que el análisis sea portable y replicable.
2. **Organización:** Reduce errores como "archivo no encontrado" al mantener todos los elementos (datos, scripts, resultados) en una estructura clara y accesible.

3. **Eficiencia:** Facilita el acceso a los archivos, ya que no es necesario escribir rutas completas, solo los nombres de los archivos.

5.2.2 Configuración automática del directorio de trabajo

Cuando se trabaja con scripts independientes, se puede establecer automáticamente el directorio de trabajo como la carpeta donde está guardado el script. Esto se logra utilizando el paquete `rstudioapi`:

```
# Instalar y cargar el paquete rstudioapi
if (!require("rstudioapi")) install.packages("rstudioapi")

# Establecer el directorio de trabajo
setwd(dirname(rstudioapi::getActiveDocumentContext()$path))
```

5.2.2.1 Explicación del código

1. `if (!require("rstudioapi")) install.packages("rstudioapi")`: Esta estructura condicional verifica si el paquete `rstudioapi` está instalado. Si no lo está, lo instala automáticamente desde CRAN.
2. `rstudioapi::getActiveDocumentContext()$path`: Obtiene la ruta completa del script actual. Por ejemplo, si el script está ubicado en `C:/proyecto/scripts/analisis.R`, esta función devuelve esa ruta completa.
3. `dirname()`: Extrae la carpeta que contiene el script. Siguiendo el ejemplo anterior, convierte `C:/proyecto/scripts/analisis.R` en `C:/proyecto/scripts/`.
4. `setwd()`: Establece la carpeta extraída como el directorio de trabajo. Esto asegura que cualquier archivo en esa carpeta pueda ser accedido directamente sin necesidad de especificar rutas completas.

5.2.3 Beneficios de establecer un directorio de trabajo

1. **Portabilidad**: Si se mueve toda la carpeta del proyecto a otra ubicación, el código seguirá funcionando sin necesidad de ajustes adicionales.
2. **Automatización**: No es necesario modificar manualmente las rutas al compartir el script con otros usuarios, lo que facilita la colaboración.
3. **Reproducibilidad**: Garantiza que el análisis pueda ser replicado en diferentes entornos sin problemas de rutas.

5.2.4 Consecuencias de no establecer un directorio de trabajo

1. **Errores frecuentes:** R buscará archivos en una ubicación predeterminada (como la carpeta "Documentos"), lo que puede generar errores si los datos no están allí.
2. **Código no reproducible:** Si otra persona ejecuta el script, será necesario modificar manualmente todas las rutas para que funcione.

5.2.5 Recomendaciones prácticas

1. **Guardar el script antes de configurar el directorio**: Es importante guardar el script antes de ejecutar la línea de configuración automática, ya que R necesita conocer su ubicación para establecer el directorio de trabajo correctamente.
2. **Verificar el directorio actual**: Antes de importar datos o guardar resultados, se puede verificar el directorio de trabajo actual utilizando la función `getwd()`:

```
# Verificar el directorio de trabajo actual
getwd()
```

3. **Usar proyectos en RStudio**: Siempre que sea posible, se recomienda trabajar dentro de un proyecto de RStudio (`.Rproj`), ya que este configura automáticamente el directorio de trabajo y facilita la organización.

5.3 Importación de archivos CSV

Los archivos CSV (Comma-Separated Values) son uno de los formatos más comunes para almacenar datos tabulares. Según Wickham (2016), estos archivos son preferidos por su simplicidad y portabilidad. Para importar un archivo CSV, se utiliza la función `read.csv()`:

```
# Importar un archivo CSV
datos <- read.csv("ruta/del/archivo/datos.csv",
                  header = TRUE,
                  sep = ",")
```

Parámetros importantes:

1. `header =` : Indica si el archivo tiene una fila de encabezado (TRUE) o no (FALSE).
2. `sep =` : Especifica el separador entre valores (`,`, `;`, `\t`, etc.).

5.4 Importación de archivos Excel

Para importar archivos Excel (`.xlsx`), se utiliza el paquete `readxl` (Wickham & Bryan, 2023). Este paquete ofrece funciones especializadas para leer datos de hojas de cálculo de Excel sin necesidad de conversiones previas.

5.4.1 Pasos para importar un archivo Excel

1. Instalar y cargar el paquete `readxl`.

```
# Instalar y cargar el paquete readxl
if (!require("readxl")) install.packages("readxl")
```

2. Importar el archivo Excel

```
# Importar un archivo Excel
datos_excel <- read_excel("ruta/del/archivo/datos.xlsx",
                          sheet = "Hoja1",  #Nombre de la hoja
                          col_names = TRUE/FALSE) #Primera fila como encabezado
```

Parámetros importantes:

1. **`sheet =`** : Especifica la hoja del archivo que se desea importar.
2. **`col_names =`** : Indica si el archivo tiene una fila de encabezado (TRUE) o no (FALSE).

5.5 Ejemplo práctico: Base de datos de estudiantes USAC

Para ilustrar estos conceptos, utilizaremos una base de datos recopilada en 2002 en la Universidad de San Carlos de Guatemala, que contiene información de 460 estudiantes de diversas facultades. Esta base de datos está disponible en ambos formatos (CSV y Excel) y será utilizada a lo largo del manual.

```
# Instalar y cargar el paquete readxl
if (!require("readxl")) install.packages("readxl")

# Importar datos en formato CSV
datos_csv <- read.csv("datos_estudiantes.csv",
                      header = TRUE,
                      sep = ",")

# Importar datos en formato Excel
datos_excel <- read_excel("datos_estudiantes_2002.xlsx",
                          sheet = "datos",
                          col_names = TRUE)

# Visualizar los primeros registros
head(datos_csv)  # Muestra las primeras 6 filas
```

5.5.1 Verificación de datos importados

Después de importar los datos, es importante verificar que la importación se realizó correctamente. R ofrece varias funciones para este propósito:

```
# Estructura del data frame
str(datos_csv)

# Resumen estadístico básico
summary(datos_csv)

# Dimensiones del data frame
dim(datos_csv)
```

5.5.2 Notas importantes

1. **Ubicación de archivos**: Cuando se trabaja con proyectos de RStudio, los archivos deben estar en el directorio del proyecto para facilitar su acceso.
2. **Codificación de caracteres**: En caso de problemas con caracteres especiales (ñ, tildes), se puede especificar la codificación:

   ```
   datos <- read.csv("archivo.csv", encoding = "UTF-8")
   ```

6 Operadores en R

En R, los operadores son herramientas fundamentales que permiten realizar cálculos, comparaciones, asignaciones y manipulaciones de datos. Son el equivalente a las herramientas básicas de un taller, que se combinan para construir soluciones más complejas. Comprender su funcionamiento es esencial para aprovechar al máximo las capacidades del lenguaje en el análisis estadístico y la programación (R Core Team, 2023).

Los operadores en R se clasifican en diferentes categorías según su función. A continuación, se describen los principales tipos de operadores disponibles en el lenguaje, junto con ejemplos prácticos para ilustrar su uso.

6.1 Tipos de operadores en R

Tipo de Operador	Ejemplo	Descripción
Aritméticos	`+`, `-`, `*`, `/`	Realizan operaciones matemáticas básicas como suma, resta, multiplicación, etc.
Lógicos	`>`, `<`, `==`, `!=`	Comparan valores y devuelven un resultado lógico (`TRUE` o `FALSE`).
Asignación	`<-`, `=`	Asignan valores a objetos.
Manipulación de datos	`$`, `[]`, `:`	Acceden o manipulan elementos dentro de estructuras de datos.

6.2 Operadores de Asignación

Los operadores de asignación se utilizan para crear objetos y almacenar valores en ellos. En R, los operadores más comunes son `<-` y `=`. Aunque ambos cumplen la misma función, el uso de `<-` es el estándar recomendado en la comunidad de R, ya que evita conflictos con otros operadores lógicos (Ihaka & Gentleman, 1996).

6.2.1 Ejemplo práctico

```r
# Asignación de valores a objetos
x <- 10          # Asignar el valor 10 al objeto x
y = 20           # Asignar el valor 20 al objeto y (menos recomendado)

# Uso de objetos
suma <- x + y    # Resultado: 30
```

Nota: Aunque = puede ser utilizado para asignar valores, su uso no es recomendado en contextos profesionales debido a posibles confusiones con el operador lógico de igualdad (==).

6.3 Operadores aritméticos

Los operadores aritméticos permiten realizar operaciones matemáticas básicas y avanzadas. Son fundamentales para trabajar con datos numéricos y realizar cálculos en análisis estadísticos. Estos operadores operan sobre valores numéricos y devuelven resultados numéricos.

Los operadores aritméticos permiten realizar operaciones matemáticas básicas y avanzadas. Son fundamentales para trabajar con datos numéricos y realizar cálculos en análisis estadísticos. Estos operadores operan sobre valores numéricos y devuelven resultados numéricos.

Operador	Acción	Ejemplo	Resultado
+	Suma	5 + 3	8
-	Resta	10 - 4	6
*	Multiplicación	6 * 2	12
/	División	15 / 3	5
^	Potencia	2 ^ 3	8
%/%	División entera	17 %/% 5	3
%%	Módulo o residuo	17 %% 5	2

6.3.1 Ejemplo práctico

En este ejemplo, se observa cómo los operadores aritméticos pueden ser utilizados tanto para cálculos simples como para operaciones más específicas, como obtener el cociente y el residuo de una división. Estas operaciones son útiles en contextos como la creación de nuevas variables derivadas o el análisis de datos numéricos.

```r
# Ejemplo práctico del uso de operadores aritméticos
# Operaciones básicas
resultado_suma <- 5 + 3        # Resultado: 8
resultado_resta <- 10 - 4      # Resultado: 6
resultado_mult <- 6 * 2        # Resultado: 12
resultado_div <- 15 / 3        # Resultado: 5
```

```r
resultado_pot <- 2 ^ 3          # Resultado: 8

# División entera y residuo
cociente <- 17 %/% 5            # Resultado: 3
residuo <- 17 %% 5              # Resultado: 2
```

6.4 Operadores lógicos

Los operadores lógicos permiten realizar comparaciones y evaluaciones condicionales. Son esenciales para la toma de decisiones en el código, como filtrar datos o establecer reglas condicionales. Estos operadores trabajan con valores lógicos (`TRUE` o `FALSE`) y se utilizan para evaluar condiciones.

Operador	Acción	Ejemplo	Resultado
`>`	Mayor que	`5 > 3`	`TRUE`
`<`	Menor que	`5 < 3`	`FALSE`
`>=`	Mayor o igual que	`5 >= 5`	`TRUE`
`<=`	Menor o igual que	`5 <= 4`	`FALSE`
`==`	Igualdad	`5 == 5`	`TRUE`
`!=`	Desigualdad	`5 != 3`	`TRUE`
`&`	Y lógico (AND)	`(5 > 3) & (4 > 2)`	`TRUE`
`` ` ``	O lógico (OR)	`(4 < 2)  ` ` (5 > 3)`	`TRUE`
`!`	Negación lógica	`!(5 > 3)`	`FALSE`

6.4.1 Ejemplo práctico

Los operadores lógicos son especialmente útiles en tareas como la selección de datos, la creación de condiciones en bucles y la evaluación de reglas en análisis estadísticos (R Core Team, 2023).

```r
# Ejemplo práctico del uso de operadores lógicos
# Comparaciones simples
edad <- 25
es_mayor <- edad > 18               # Resultado: TRUE
es_menor <- edad < 30               # Resultado: TRUE
es_igual <- edad == 25              # Resultado: TRUE
es_diferente <- edad != 20          # Resultado: TRUE

# Operaciones lógicas compuestas
peso_Kg <- 70
altura <- 1.75
imc <- peso_Kg / (altura^2)

sobrepeso <- imc >= 25 & imc < 30    # Evaluación de sobrepeso
peso_normal <- imc >= 18.5 & imc < 25 # Evaluación de peso normal
```

En este ejemplo, se observa cómo los operadores lógicos pueden ser utilizados para evaluar condiciones simples y compuestas. Por ejemplo, se calcula el índice de masa corporal (IMC) y se evalúa si el valor corresponde a un rango de peso normal o sobrepeso.

6.5 Operadores de Manipulación de Datos

Los operadores de manipulación de datos permiten acceder, seleccionar y modificar elementos dentro de estructuras de datos como vectores, listas o data frames. Estos operadores son esenciales para trabajar con datos organizados y realizar análisis estadísticos.

Operador	Acción	Ejemplo	Resultado
`[]`	Acceso a elementos por posición	`vector[1]`	Primer elemento del vector
`[ , ]`	Acceso a filas y columnas en un data frame	`data[1, 2]`	Elemento en la fila 1, columna 2
`$`	Acceso a una columna específica en un data frame	`data$columna`	Columna seleccionada
`:`	Creación de secuencias	`1:10`	Secuencia del 1 al 10

6.5.1 Ejemplo práctico

```r
# Crear un vector
vector <- c(10, 20, 30, 40, 50)

# Acceder al primer elemento
primer_elemento <- vector[1]       # Resultado: 10

# Crear un data frame
data <- data.frame(
  nombre = c("Juan", "Ana", "Luis"),
  edad = c(25, 30, 22),
  peso = c(70, 65, 80)
)

# Acceder a una columna
columna_edad <- data$edad      # Resultado: c(25, 30, 22)

# Acceder a un elemento específico
elemento <- data[2, 3]       # Resultado: 65 (peso de Ana)
```

En este ejemplo, se observa cómo los operadores de manipulación de datos permiten acceder a elementos específicos dentro de estructuras de datos. Esto es especialmente útil para filtrar, transformar y analizar datos en R.

7 Funciones en R

Las funciones son uno de los pilares fundamentales de la programación en R. Constituyen bloques de código que encapsulan una serie de instrucciones diseñadas para realizar tareas específicas. Estas permiten automatizar procesos, reducir la repetición de código y mejorar la legibilidad de los scripts. Comprender cómo funcionan las funciones y cómo crearlas es esencial para aprovechar al máximo las capacidades de R en el análisis estadístico y la programación (R Core Team, 2023; Wickham & Grolemund, 2017).

En esta sección, se explorará qué son las funciones, cómo se utilizan y cómo se pueden crear funciones personalizadas para resolver problemas específicos.

7.1 Definición y características de las funciones en R

7.1.1 ¿Qué es una función?

Una función en R es un objeto que toma uno o más valores de entrada (llamados argumentos), realiza una serie de operaciones con ellos y devuelve un resultado. Las funciones son esenciales para estructurar el código de manera eficiente y reutilizable (Chambers, 2008).

Cada función en R tiene tres componentes principales:

1. **Nombre**: Es el identificador que se utiliza para llamar a la función.
2. **Argumentos**: Son los valores de entrada que la función necesita para realizar sus operaciones.
3. **Cuerpo**: Es el conjunto de instrucciones que define lo que la función hace.

7.1.2 Tipos de funciones

En R, las funciones se dividen en dos categorías principales:

1. **Funciones predefinidas (built-in)**: Estas funciones vienen incluidas en R o en paquetes adicionales y están diseñadas para realizar tareas comunes, como cálculos matemáticos, operaciones estadísticas, manipulación de datos y visualización.
2. **Funciones personalizadas (user-defined)**: Estas son creadas por el usuario para realizar tareas específicas que no están cubiertas por las funciones predefinidas. Son útiles para automatizar procesos repetitivos o realizar cálculos complejos.

7.1.3 Funciones predefinidas en R

Las funciones predefinidas son herramientas esenciales en R, ya que permiten realizar operaciones comunes de manera rápida y eficiente. A continuación, se presentan algunos ejemplos de funciones predefinidas ampliamente utilizadas:

Ejemplos de funciones predefinidas:

1. `mean()`: Calcula la media aritmética de un conjunto de datos.

```
# Ejemplo del uso de la función mean
datos <- c(1, 2, 3, 4, 5)
media <- mean(datos)
media  # Resultado:
```

```
[1] 3
```

2. `sum()`: Calcula la suma de los elementos de un vector.

```
# Ejemplo del uso de la función sum
suma <- sum(datos)
suma  # Resultado:
```

```
[1] 15
```

3. `sd()`: Calcula la desviación estándar.

```
# Ejemplo del uso de la función sd
desviacion <- sd(datos)
desviacion  # Resultado:
```

```
[1] 1.581139
```

4. `summary()`: Proporciona un resumen estadístico de un conjunto de datos.

```
# Ejemplo del uso de la función summary
resumen <- summary(datos)
resumen  # Resultado:
```

```
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max. 
      1       2       3       3       4       5 
```

Estas funciones son ampliamente utilizadas y no requieren que el usuario las defina, ya que están disponibles de forma predeterminada en R (R Core Team, 2023).

7.1.3.1 Funciones personalizadas en R

Las funciones personalizadas son aquellas que el usuario crea para realizar tareas específicas que no están cubiertas por las funciones predefinidas. Estas funciones son útiles cuando se necesita automatizar procesos repetitivos o realizar cálculos complejos que no están disponibles en las funciones estándar.

Ejemplo de una función personalizada:

Se puede crear una función para calcular el área de un círculo dado su radio:

```
# Función para calcular el area de un circulo
calcular_area_circulo <- function(radio) {
  area <- pi * radio^2
  return(area)
}

# Uso de la función
area <- calcular_area_circulo(5)
area  # Resultado:
```

```
[1] 78.53982
```

En este caso:

1. El usuario define la lógica de la función.
2. Especifica los argumentos necesarios (`radio`).
3. Utiliza la función para realizar cálculos.

7.1.4 Diferencias entre funciones predefinidas y personalizadas

Característica	Funciones predefinidas	Funciones personalizadas
Disponibilidad	Incluidas en R o en paquetes	Creadas por el usuario
Flexibilidad	Limitada a las tareas para las que fueron diseñadas	Totalmente adaptables a las necesidades del usuario
Ejemplos	`mean()`, `sum()`, `sd()`, `summary()`	`calcular_area_circulo()`
Reutilización	Reutilizables en cualquier script	Reutilizables si se definen en el entorno o se guardan en un archivo

7.2 Usos y beneficios de las funciones en R

Las funciones en R ofrecen múltiples beneficios que las convierten en herramientas indispensables para cualquier usuario. Entre los principales usos y ventajas se encuentran:

1. **Reutilización de código**: Una vez que se define una función, esta puede ser utilizada en diferentes partes de un proyecto o incluso en otros proyectos, evitando la repetición de código.
2. **Modularidad**: Las funciones permiten dividir problemas complejos en partes más pequeñas y manejables, lo que facilita la organización del código.
3. **Legibilidad**: Al encapsular operaciones complejas dentro de funciones, el código se vuelve más fácil de leer y entender.
4. **Automatización**: Las funciones permiten automatizar tareas repetitivas, ahorrando tiempo y esfuerzo.

Ejemplo de automatización con funciones personalizadas:

Supongamos que se necesita calcular el área de varios círculos con diferentes radios. En lugar de repetir el cálculo manualmente, se puede usar una función personalizada:

```
radios <- c(1, 2, 3, 4, 5)

# Aplicar la función a cada radio
areas <- calcular_area_circulo(radios)
areas  # Resultado:
```

```
[1]  3.141593 12.566371 28.274334 50.265482 78.539816
```

7.3 Cómo crear funciones en R: Sintaxis y ejemplos básicos

7.3.1 Sintaxis básica

La creación de funciones en R sigue una estructura sencilla:

```
nombre_funcion <- function(argumento1, argumento2, ...) {
  # Cuerpo de la función
  # Operaciones
  return(resultado)
}
```

7.3.2 Elementos clave de una función

1. **Nombre de la función**: Debe ser descriptivo y reflejar la tarea que realiza.
2. **Argumentos**: Son los valores de entrada que la función necesita. Pueden tener valores por defecto.
3. **Cuerpo de la función**: Contiene las operaciones que se ejecutan cuando se llama a la función.
4. **Valor de retorno**: Especificado con `return()`, aunque no es obligatorio. Si no se usa, la función devuelve el último valor calculado.

7.3.3 Ejemplo básico

Se puede crear una función para convertir grados Celsius a Fahrenheit:

```
# Fucnión para convertir de grados celsius a fahrenheit
celsius_a_fahrenheit <- function(celsius) {
  fahrenheit <- (celsius * 9/5) + 32
  return(fahrenheit)
}

# Uso de la función
temperatura <- celsius_a_fahrenheit(25)
temperatura  # Resultado:
```

```
[1] 77
```

8 Paquetes en R

Los paquetes en R son una de las características más poderosas del lenguaje, ya que permiten extender sus capacidades básicas para realizar tareas específicas de manera eficiente. Estos paquetes son fundamentales para el análisis estadístico y la manipulación de datos, ya que proporcionan herramientas especializadas desarrolladas por expertos en diferentes campos (R Core Team, 2023).

8.1 ¿Qué es un paquete en R?

Un paquete en R es una colección organizada de funciones, datos y documentación que amplía las capacidades del entorno base de R. Estos paquetes son desarrollados por la comunidad de usuarios y están diseñados para resolver problemas específicos, desde la manipulación de datos hasta la visualización avanzada o el análisis estadístico especializado (Wickham & Bryan, 2023).

8.1.1 Características principales de los paquetes

1. **Funciones especializadas:** Cada paquete incluye funciones diseñadas para tareas específicas, como crear gráficos, realizar análisis estadísticos o manipular datos.
2. **Documentación:** Los paquetes incluyen documentación detallada que explica cómo utilizarlos, con ejemplos prácticos.
3. **Datos de ejemplo:** Muchos paquetes incluyen conjuntos de datos que permiten practicar y entender su funcionalidad.

8.1.2 ¿Por qué usar paquetes en R?

Los paquetes son esenciales para aprovechar al máximo el potencial de R por varias razones (Wickham & Grolemund, 2017):

1. **Extensibilidad:** Permiten realizar tareas que no están disponibles en el entorno base de R.
2. **Eficiencia:** Simplifican procesos complejos, reduciendo el tiempo necesario para realizar análisis.
3. **Especialización:** Existen paquetes diseñados para áreas específicas, como la agronomía (*agricolae*), la biología (*vegan*) o la economía (*forecast*).
4. **Comunidad activa:** La comunidad de R desarrolla y mantiene una amplia variedad de paquetes, lo que garantiza su actualización y soporte.

8.2 Instalación y carga de paquetes

La instalación de paquetes en R se realiza principalmente desde CRAN (Comprehensive R Archive Network), el repositorio oficial que alberga más de 19,000 paquetes. Para instalar un paquete, se utiliza la función `install.packages()`.

8.2.1 Proceso de instalación

```
# Instalación del paquete ggplot2
install.packages("ggplot2")
```

8.2.2 Carga de paquetes

Una vez instalado, un paquete debe cargarse en la sesión actual para poder utilizar sus funciones. Esto se realiza con la función `library()`.

```
# Cargar el paquete ggplot2
library(ggplot2)
```

Es importante destacar que la instalación de un paquete solo se realiza una vez, pero debe cargarse en cada nueva sesión de trabajo.

8.2.3 Automatización de la instalación y carga

Para garantizar que un paquete esté disponible en el entorno de trabajo, se puede utilizar la siguiente "receta mágica", que verifica si el paquete está instalado y, en caso contrario, lo instala y carga al entorno de trabajo automáticamente:

```
# Verificar e instalar automáticamente un paquete
if (!require("ggplot2")) install.packages("ggplot2")
```

Esta estructura es útil para mantener el código reproducible y evitar errores al compartir scripts con otros usuarios.

8.3 Paquetes recomendados para tareas específicas

En el contexto del análisis estadístico, algunos paquetes son especialmente útiles. A continuación, se presenta una lista de paquetes recomendados, junto con una breve descripción de su funcionalidad:

8.3.1 Manipulación de datos

1. ***dplyr***: Simplifica la manipulación de datos mediante funciones intuitivas para filtrar, seleccionar y resumir datos.
2. ***tidyr***: Facilita la transformación de datos entre formatos ancho y largo.

8.3.2 Visualización de datos

1. ***ggplot2***: Permite crear gráficos personalizados y de alta calidad basados en la gramática de gráficos.

8.3.3 Análisis estadístico

1. ***stats***: Incluye funciones base para realizar pruebas t, ANOVA y regresiones.
2. ***agricolae***: Diseñado para análisis estadísticos en agronomía, como diseños experimentales y pruebas de comparación múltiple.

8.3.4 Ejemplo práctico: Instalación y carga de paquetes esenciales

```
# Instalación y carga de paquetes esenciales

# tidyverse (incluye ggplot2, dplyr, tidyr)
if (!require("tidyverse")) install.packages("tidyverse")

# Diseños experimentales agrícolas
if (!require("agricolae")) install.packages("agricolae")

# Manejo de archivos Excel
if (!require("readxl")) install.packages("readxl")
if (!require("writexl")) install.packages("writexl")

# Utilidades de RStudio/ Establecer directorio de trabajo
if (!require("rstudioapi")) install.packages("rstudioapi")
```

8.4 Ejemplo práctico: Uso de paquetes en un flujo de trabajo

A continuación, se presenta un ejemplo práctico que integra diversos paquetes de R para realizar un análisis estadístico de datos. El script correspondiente a este ejemplo está disponible en el siguiente repositorio: https://github.com/Ludwing-MJ/Paquetes_Ej. Este ejercicio se basa en el ejemplo 2.2.8 del libro *Diseños y análisis de experimentos* de López y González (2016).

Contexto: Un silvicultor quiso comparar los efectos de cinco tratamientos de preparación del terreno sobre el crecimiento inicial en altura de plántulas de pino maximinoii. Dispuso de 25 parcelas y aplicó cada tratamiento a cinco parcelas seleccionadas al azar. La plantación fue realizada manualmente y, al final de cinco años, se midió la altura de todos los pinos y se calculó la altura promedio de cada parcela. Las medidas de las parcelas (en pies) fueron las siguientes.

8.4.1 Preparación del área de trabajo

Antes de iniciar un nuevo análisis, es fundamental crear un proyecto en R para garantizar una adecuada organización y reproducibilidad del trabajo. Se recomienda seguir las pautas de guardado y organización de archivos descritas en la sección 3.2. Una vez creado y guardado el proyecto, así como el script donde se desarrollará el análisis, se procede a instalar y cargar los paquetes necesarios. A continuación, se presenta un ejemplo práctico del código correspondiente:

```
# Ejemplo práctico: Uso de paquetes
# NOTA: Antes de trabajar, es necesario crear y guardar un nuevo script.

# Instalación y carga de paquetes esenciales

# Paquete que incluye ggplot2, dplyr, tidyr
if (!require("tidyverse")) install.packages("tidyverse")

# Paquete para diseños experimentales agrícolas
if (!require("agricolae")) install.packages("agricolae")

# Paquete para la importación de archivos Excel
if (!require("readxl")) install.packages("readxl")

# Paquete para la exportación de datos a Excel
if (!require("writexl")) install.packages("writexl")

# Paquete para establecer el directorio de trabajo automáticamente
if (!require("rstudioapi")) install.packages("rstudioapi")
```

8.4.2 Importación de los datos

Para importar un archivo Excel con los datos de altura de las parcelas de pino, se utiliza el paquete readxl. Antes de realizar la importación, se establece el directorio de trabajo de manera automática utilizando el paquete rstudioapi. Esto asegura que los archivos se encuentren en la ubicación correcta para su procesamiento.

```
# Establecer directorio de trabajo
setwd(dirname(rstudioapi::getActiveDocumentContext()$path))
```

```r
# Importar datos desde un archivo Excel
altura_pino <- read_excel("datos_arboles.xlsx")
```

8.4.3 Análisis de la varianza

El análisis de varianza (ANOVA) se realiza con el paquete `agricolae` para evaluar el efecto de diferentes tratamientos sobre la altura promedio de las parcelas. Además, se aplica la prueba de Tukey para realizar comparaciones múltiples entre los tratamientos.

```r
# Análisis de varianza
modelo_anova <- aov(altura_ft ~ tratamiento, data = altura_pino)
summary(modelo_anova)
```

```
            Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
tratamiento  4  34.64    8.66   5.851 0.00276 **
Residuals   20  29.60    1.48
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

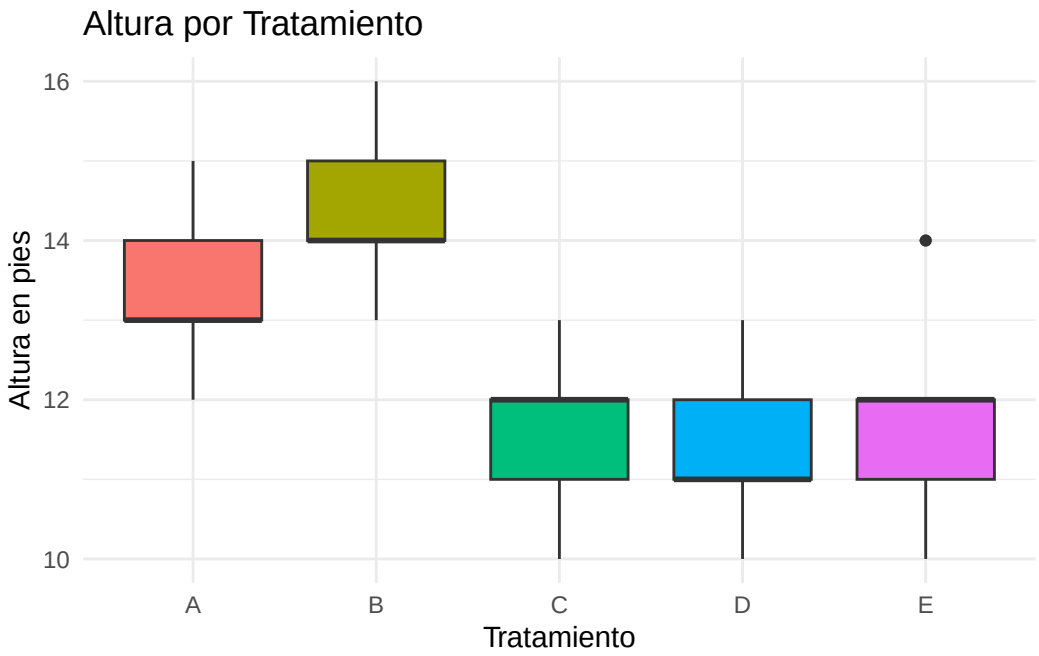
```r
# Prueba de Tukey
comparacion_tukey <- HSD.test(modelo_anova, "tratamiento")
print(comparacion_tukey$groups)
```

```
  altura_ft groups
B      14.4      a
A      13.4     ab
E      11.8      b
C      11.6      b
D      11.4      b
```

8.4.4 Visualización de resultados

Para visualizar los resultados, se utiliza el paquete `ggplot2`, que permite crear un gráfico de cajas (boxplot) que muestra la distribución de la altura promedio por tratamiento. Este gráfico incluye un diseño minimalista y elimina la leyenda redundante.

```r
# Visualización de resultados
ggplot(altura_pino, aes(x = tratamiento,
                        y = altura_ft,
                        fill = tratamiento)) +
  geom_boxplot() +
  labs(title = "Altura por Tratamiento",
       x = "Tratamiento",
       y = "Altura en pies")+
  theme_minimal()+ # Establece el tema del gráfico
  theme(legend.position = "none")  # Remueve la leyenda redundante
```



8.4.5 Exportación de resultados

Finalmente, los resultados de la prueba de Tukey se exportan a un archivo Excel utilizando el paquete `writexl`. Además, el gráfico generado se guarda en formato PNG con la función `ggsave`.

```
# Exportar resultados a Excel
write_xlsx(comparacion_tukey$groups,
           "resultados_tukey.xlsx",
           col_names = TRUE,
           format_headers = TRUE,
           use_zip64 = FALSE)

# Exportar gráficos
ggsave("ggplot_pino.png")
```

Parte III

Manipulación de datos

9 Introducción a la manipulación de datos en R

10 Manipulación de Datos con Herramientas Base de R

11 Manipulación de datos con dplyr y tidyr

Los paquetes **dplyr** y **tidyr** son componentes fundamentales del ecosistema **tidyverse**, diseñados para simplificar y optimizar la manipulación y transformación de datos en R. Estas herramientas permiten realizar tareas comunes de análisis de datos de manera eficiente, reproducible y con una sintaxis clara e intuitiva (Wickham et al., 2023). En esta sección, se explorarán las principales funciones de estos paquetes, junto con ejemplos prácticos que ilustran su uso.

11.1 Introducción a los paquetes `dplyr` y `tidyr`

El paquete **dplyr** está especializado en la manipulación de datos tabulares, ofreciendo funciones específicas para realizar operaciones como filtrar filas, seleccionar columnas, crear nuevas variables y resumir datos. Su diseño está optimizado para trabajar con estructuras como data frames y tibbles, proporcionando un rendimiento superior y una sintaxis más legible en comparación con las funciones base de R.

Por otro lado, el paquete **tidyr** se centra en la reorganización de datos, facilitando la transformación entre formatos "ancho" y "largo". Estas transformaciones son esenciales para preparar los datos de manera adecuada antes de su análisis o visualización, asegurando que estén en el formato más conveniente para las herramientas de análisis.

Para ilustrar el uso de estas herramientas, en esta sección se desarrollará un ejemplo práctico que permitirá explorar las principales funciones de manipulación de datos. El script correspondiente a este ejemplo está disponible en el siguiente repositorio: Repositorio de ejemplo - Manipulación de datos.

11.2 Operaciones básicas con dplyr

11.2.1 Filtrar filas con `filter()`

La función **`filter()`** se utiliza para seleccionar filas de un *data frame* que cumplen con una o más condiciones lógicas. Esta operación es útil para extraer subconjuntos de datos relevantes para un análisis específico.

Sintaxis básica:

```
filter(data, condición)
```

Ejemplo práctico: Filtrar estudiantes con un peso mayor a 65 kg.

```r
# Crear un data frame de ejemplo
datos <- data.frame(
  nombre = c("Juan", "Ana", "Luis", "María"),
  edad = c(18, 22, 20, 19),
  peso = c(70, 55, 80, 60),
  altura = c(1.75, 1.60, 1.80, 1.65)
)

# Filtrar estudiantes con peso mayor a 65 kg
estudiantes_pesados <- datos %>%
  filter(peso > 65)

# Visualizar el resultado
estudiantes_pesados
```

```
  nombre edad peso altura
1   Juan   18   70   1.75
2   Luis   20   80   1.80
```

Explicación: El resultado es un *data frame* que incluye únicamente las filas donde la variable `peso` es mayor a 65. Esta operación permite enfocar el análisis en un subconjunto específico de datos, lo que resulta útil en estudios que requieren segmentación de información.

11.2.2 Seleccionar columnas con `select()`

La función **`select()`** permite extraer columnas específicas de un *data frame*. Esto es útil para reducir la cantidad de datos visibles o para trabajar únicamente con las variables necesarias.

Sintaxis básica:

```r
select(data, columnas)
```

Ejemplo práctico: Seleccionar las columnas `nombre` y `edad`.

```r
# Seleccionar columnas específicas
datos_reducidos <- datos %>%
  select(nombre, edad)

# Visualizar el resultado
datos_reducidos
```

```
  nombre edad
1   Juan   18
2    Ana   22
```

```
3   Luis   20
4  María   19
```

Explicación: El resultado es un *data frame* que contiene únicamente las columnas `nombre` y `edad`. Esto es especialmente útil cuando se desea exportar información específica o simplificar la visualización de los datos.

11.2.3 Crear nuevas columnas con `mutate()`

La función **`mutate()`** permite añadir nuevas columnas calculadas a un *data frame*. Esta operación es esencial para realizar cálculos derivados de las variables existentes.

Sintaxis básica:

```
mutate(data, nueva_columna = expresión)
```

Ejemplo práctico: Calcular el índice de masa corporal (IMC) de los estudiantes.

```
# Calcular el IMC
datos <- datos %>%
  mutate(IMC = peso / (altura^2))

# Visualizar el resultado
datos
```

```
  nombre edad peso altura      IMC
1   Juan   18   70   1.75 22.85714
2    Ana   22   55   1.60 21.48437
3   Luis   20   80   1.80 24.69136
4  María   19   60   1.65 22.03857
```

Explicación: Se añade una nueva columna llamada `IMC` al *data frame*, calculada como el peso dividido por el cuadrado de la altura. Esta operación permite enriquecer los datos con información derivada, facilitando análisis más detallados.

11.2.4 Agrupar y resumir datos con `group_by()` y `summarize()`

La combinación de **`group_by()`** y **`summarize()`** permite calcular estadísticas por grupo. Esto es útil para obtener resúmenes de datos categorizados, como promedios, sumas o conteos.

Sintaxis básica:

```
  data %>%
  group_by(grupo) %>%
  summarize(resumen = función(variable))
```

Ejemplo práctico: Calcular el peso promedio por grupo de edad (mayores y menores de 20 años).

```
# Calcular peso promedio por grupo de edad
peso_promedio <- datos %>%
  mutate(grupo_edad = ifelse(edad >= 20,
                             "Mayor o igual a 20",
                             "Menor a 20")) %>%
  group_by(grupo_edad) %>%
  summarize(peso_promedio = mean(peso))

# Visualizar el resultado
peso_promedio
```

```
# A tibble: 2 x 2
  grupo_edad         peso_promedio
  <chr>                      <dbl>
1 Mayor o igual a 20          67.5
2 Menor a 20                  65
```

Explicación: Se crea una nueva variable `grupo_edad` que clasifica a los estudiantes en dos categorías: "Mayor o igual a 20" y "Menor a 20". Luego, se calcula el peso promedio para cada grupo. Este tipo de operación es útil para realizar análisis comparativos entre categorías, como estudios demográficos o segmentación de datos.

11.3 Uso de pipes (%>%) para mejorar la legibilidad del código

El operador **pipe** (%>%), introducido por el paquete `magrittr` y ampliamente adoptado en el ecosistema tidyverse, permite encadenar funciones de manera legible. En lugar de anidar funciones, el pipe pasa el resultado de una función como entrada a la siguiente.

Ejemplo sin pipes: Cuando no se utiliza el operador pipe, las funciones deben anidarse o ejecutarse en pasos separados, lo que puede dificultar la lectura y comprensión del código:

```
# Crear columna grupo_edad usando mutate
datos <- datos %>%
  mutate(grupo_edad = ifelse(edad >= 20,
                             "Mayor o igual a 20",
                             "Menor a 20"))
# Agrupar y resumir los datos sin pipes
resultado <- summarize(group_by(datos, grupo_edad),
                       peso_promedio = mean(peso))
```

Ejemplo con pipes: El uso de pipes permite encadenar las operaciones de manera más clara y natural, eliminando la necesidad de anidar funciones:

```r
# Agrupar y resumir los datos con pipes
resultado <- datos %>%
  group_by(grupo_edad) %>%
  summarize(peso_promedio = mean(peso))
```

Diferencia clave: Con pipes, el flujo de trabajo se lee de arriba hacia abajo, siguiendo un orden lógico que refleja el proceso de análisis.

11.3.1 Ventajas del uso de pipes

El uso de pipes (`%>%`) en R mejora significativamente la **legibilidad** del código al permitir que las operaciones se encadenen de manera secuencial y lógica, eliminando la necesidad de anidar funciones. Esto facilita la comprensión del flujo de trabajo, especialmente en análisis complejos. Además, los pipes simplifican la **depuración**, ya que dividen el análisis en pasos claros, lo que permite identificar errores y verificar resultados intermedios con mayor facilidad.

Otra ventaja clave es la **modularidad**, ya que cada operación se organiza como un bloque independiente, lo que facilita realizar ajustes sin afectar el resto del análisis. Finalmente, los pipes promueven la **reproducibilidad**, al estructurar el código de forma clara y reutilizable, mejorando la colaboración y asegurando resultados consistentes.

11.4 Transformación de datos con tidyr

El paquete `tidyr` es una herramienta fundamental para la reorganización de datos en R, especialmente cuando se necesita cambiar entre formatos "ancho" y "largo". Esta transformación es esencial para adaptar los datos a diferentes tipos de análisis estadísticos y visualizaciones (Wickham & Grolemund, 2017).

11.4.1 ¿Qué son los formatos ancho y largo?

Formato ancho: Cada variable tiene su propia columna, y cada observación está en una sola fila.

Formato largo: Las variables están organizadas en pares de columnas (nombre de variable y valor), con múltiples filas por observación.

11.4.2 Funciones principales de transformación

1. `pivot_longer()`: se utiliza para transformar datos de formato ancho a largo. Este tipo de transformación es especialmente útil cuando se necesita trabajar con datos en los que cada observación debe ocupar una fila, mientras que las variables se representan en columnas separadas. Por ejemplo, es ideal para crear gráficos con múltiples series, ya que facilita la comparación entre diferentes variables en un mismo análisis. Además, este formato es requerido en muchos análisis estadísticos que trabajan con

datos agrupados, como ANOVA o modelos de regresión, donde las variables deben estar organizadas en un formato más estructurado.

2. **`pivot_wider()`**: realiza la transformación inversa, es decir, convierte datos de formato largo a ancho. Este tipo de transformación es útil cuando se necesita crear tablas resumen que presenten los datos de manera más compacta y legible. También es esencial para análisis que requieren que las variables estén en columnas separadas, como cálculos de correlación o regresiones específicas. Además, el formato ancho es más adecuado para la presentación de resultados en reportes o tablas, ya que permite visualizar de forma clara las relaciones entre las variables y las observaciones.

11.4.3 Ejemplo práctico

Para ilustrar el uso de las funciones de transformación de datos, consideremos un ejemplo práctico con calificaciones de estudiantes. Inicialmente, crearemos un conjunto de datos que contiene las calificaciones de tres estudiantes en dos materias diferentes:

```
# Crear data frame de calificaciones
calificaciones <- data.frame(
  nombre = c("Juan", "Ana", "Luis"),
  matematicas = c(85, 90, 78),
  ciencias = c(88, 92, 80)
)

# Visualizar el data frame original
print("Datos originales en formato ancho:")
```

```
[1] "Datos originales en formato ancho:"
```

```
calificaciones
```

```
  nombre matematicas ciencias
1   Juan          85       88
2    Ana          90       92
3   Luis          78       80
```

En este formato, cada fila representa a un estudiante y las calificaciones de las materias están organizadas en columnas. Sin embargo, para ciertos análisis estadísticos o visualizaciones, es necesario transformar los datos a un formato largo.

11.4.3.1 Transformar de formato ancho a largo

La función `pivot_longer()` permite reorganizar los datos para que cada combinación de estudiante y materia ocupe una fila independiente. Este formato es útil para análisis que requieren datos agrupados o para la creación de gráficos comparativos:

```r
# Transformar a formato largo
calificaciones_largo <- calificaciones %>%
  pivot_longer(
    cols = c(matematicas, ciencias),    # Columnas a transformar
    names_to = "materia",               # Nueva columna para nombres de materias
    values_to = "calificacion"          # Nueva columna para calificaciones
  )

print("Datos en formato largo:")
```

```
[1] "Datos en formato largo:"
```

```r
calificaciones_largo
```

```
# A tibble: 6 x 3
  nombre materia     calificacion
  <chr>  <chr>              <dbl>
1 Juan   matematicas           85
2 Juan   ciencias              88
3 Ana    matematicas           90
4 Ana    ciencias              92
5 Luis   matematicas           78
6 Luis   ciencias              80
```

En este formato, cada fila representa una observación única de estudiante y materia, lo que facilita la comparación entre variables, el cálculo de estadísticas por grupo y la preparación de datos para visualizaciones.

11.4.3.2 Transformar de formato largo a ancho

Cuando se requiere regresar al formato original, por ejemplo, para presentar los datos en una tabla resumen, se utiliza la función `pivot_wider()`. Esta función reorganiza los datos para que las materias vuelvan a ocupar columnas separadas:

```r
# Transformar de vuelta a formato ancho
calificaciones_ancho <- calificaciones_largo %>%
  pivot_wider(
    names_from = "materia",             # Columna que se convertirá en nombres de columnas
    values_from = "calificacion"        # Columna que contiene los valores
  )

print("Datos restaurados en formato ancho:")
```

```
[1] "Datos restaurados en formato ancho:"
```

```
calificaciones_ancho
```

```
# A tibble: 3 x 3
  nombre matematicas ciencias
  <chr>        <dbl>    <dbl>
1 Juan            85       88
2 Ana             90       92
3 Luis            78       80
```

Esta transformación permite restaurar el formato original, donde cada estudiante ocupa una fila y las materias están organizadas en columnas. Este formato es adecuado para reportes, análisis que requieren variables en columnas independientes o para la presentación de datos de manera más legible.

Parte IV

Visualización de datos

12 Introducción a la visualización de datos

12.1 Notas:

En esta sección se explicara tanto por que R es una herramienta muy poderosa en la elaboración de gráficos como se hara una introducción de conceptos necesarios para comprender la seccion de visualizacionen de R entera

13 Visualizaciones Base de R

13.1 Notas:

En esta sección se explicara tanto por que R es una herramienta muy poderosa en la elaboración de gráficos como se hara una introducción de conceptos necesarios para comprender la seccion de visualizacionen de R entera

14 Visualización de datos con ggplot2

La visualización de datos es una herramienta esencial en el análisis estadístico, ya que permite explorar patrones, identificar relaciones y comunicar resultados de manera efectiva. En R, el paquete `ggplot2` es ampliamente reconocido por su flexibilidad y capacidad para generar gráficos de alta calidad. Este capítulo aborda los conceptos básicos de `ggplot2`, la creación de gráficos comunes y las opciones de personalización disponibles, utilizando como ejemplo un conjunto de datos recopilado en un estudio realizado en la Universidad de San Carlos de Guatemala en 2002.

14.1 Contexto de la base de datos utilizada

El estudio mencionado recopiló información de 460 estudiantes de diversas facultades, incluyendo variables como facultad, edad, sexo, estado civil, jornada de estudio, año de ingreso, peso, talla y hábitos como fumar o consumo de alcohol. Este conjunto de datos, disponible en formato CSV, será utilizado para ilustrar las herramientas y conceptos desarrollados en esta sección. El archivo puede descargarse desde el siguiente repositorio: GitHub - Visualización de datos.

Nota: Es necesario descargar el archivo y guardarlo en la carpeta correspondiente al proyecto en curso para ejecutar los ejemplos.

14.2 Introducción al paquete `ggplot2`

El paquete `ggplot2` es una herramienta versátil y poderosa para la visualización de datos en R. Su diseño modular basado en capas permite construir gráficos de calidad profesional, adaptándose tanto a visualizaciones simples como a gráficos complejos. Además, su integración con el ecosistema **tidyverse** facilita los flujos de trabajo al combinarse con herramientas como `dplyr` y `tidyr` para la manipulación de datos (Wickham, 2016).

Entre las principales características de `ggplot2` se encuentran:

1. **Flexibilidad**: Compatible con una amplia variedad de tipos de gráficos, como gráficos de barras, líneas, puntos, histogramas y diagramas de cajas.
2. **Personalización**: Permite ajustar elementos como colores, etiquetas, temas y escalas.
3. **Extensibilidad**: Puede ampliarse mediante paquetes adicionales, como `ggthemes` para temas personalizados o `plotly` para gráficos interactivos.
4. **Comunidad activa**: Su extensa documentación y comunidad de usuarios facilitan el aprendizaje y la resolución de problemas.

14.2.1 Estructura básica de un gráfico en ggplot2

La creación de gráficos en **ggplot2** sigue una estructura modular que permite construir visualizaciones de manera flexible y escalable. La sintaxis general es la siguiente:

```
ggplot(data = DATOS, aes(x = VARIABLE_X, y = VARIABLE_Y)) +
  GEOM_FUNCION() +
  labs(title = "Título del gráfico",
       x = "Etiqueta eje X",
       y = "Etiqueta eje Y")
```

Componentes principales:

1. **data:** Este argumento define el conjunto de datos que se utilizará para construir el gráfico. Debe ser un *data frame* o un objeto compatible con este formato. Es el punto de partida para cualquier visualización, ya que contiene las variables que se representarán gráficamente.

2. **aes():** La función `aes()` (abreviatura de *aesthetics*) especifica el mapeo estético, es decir, cómo las variables del conjunto de datos se asignan a los elementos visuales del gráfico. Algunos de los mapeos más comunes incluyen:

   `x`: Variable asignada al eje horizontal.

   `y`: Variable asignada al eje vertical.

   `color`: Variable que define el color de los elementos.

   `size`: Variable que define el tamaño de los elementos.

   `shape`: Variable que define la forma de los puntos (en gráficos de dispersión, por ejemplo).

   `fill`: Variable que define el color de relleno (en gráficos como barras o áreas).

3. **GEOM_FUNCION():** La función geométrica (`geom_`) define el tipo de gráfico que se desea crear. Cada tipo de gráfico tiene su propia función en **ggplot2**, como:

   `geom_point()`: Gráfico de puntos (dispersión).

   `geom_bar()`: Gráfico de barras.

   `geom_line()`: Gráfico de líneas.

   `geom_histogram()`: Histograma.

   `geom_boxplot()`: Diagrama de cajas (*boxplot*).

4. **labs():** La función `labs()` se utiliza para añadir etiquetas y títulos al gráfico. Esto incluye:

   `title`: Título principal del gráfico.

   `x`: Etiqueta del eje X.

   `y`: Etiqueta del eje Y.

`subtitle`: Subtítulo del gráfico.

`caption`: Texto adicional, como la fuente de los datos.

5. **Operador +:** El operador `+` es fundamental en **ggplot2**, ya que permite combinar diferentes capas (*layers*) en un gráfico. Cada capa puede añadir elementos adicionales, como líneas de tendencia, etiquetas o temas personalizados.

Personalización adicional:

Además de los elementos básicos, `ggplot2` permite personalizar los gráficos mediante:

1. **Temas**: La función `theme()` ajusta el diseño general del gráfico, como el tamaño de las fuentes, los colores de fondo y la posición de las leyendas.
2. **Escalas**: Las funciones `scale_` permiten modificar los colores, tamaños y formas de los elementos gráficos.

14.3 Creación de gráficos básicos

A continuación, se presentan ejemplos de gráficos comunes que se pueden crear con **ggplot2**, junto con su sintaxis y una explicación detallada. Antes de proceder con la creación de gráficos, es fundamental importar la base de datos y cargar los paquetes necesarios. A continuación, se muestra cómo realizar estos pasos:

14.3.1 Importación de la base de datos

```
# Ejemplo práctico: Uso de paquetes para visualización
# NOTA: Antes de trabajar, es necesario crear y guardar un nuevo script.

# Instalación y carga de paquetes esenciales

# Paquete que incluye ggplot2, dplyr, tidyr
if (!require("tidyverse")) install.packages("tidyverse")

# Paquete para establecer el directorio de trabajo automáticamente
if (!require("rstudioapi")) install.packages("rstudioapi")

# Importar la base de datos
datos <- read_csv("datos_estudiantes.csv")

# Ver las primeras filas del conjunto de datos
head(datos)
```

Explicación del código:

1. **Instalación y carga de paquetes**: Se utiliza la función `if (!require (...))` para verificar si los paquetes están instalados. Si no lo están, se instalan automáticamente con `install.packages()`. Automáticamente, se cargan. El paquete **tidyverse** incluye herramientas esenciales para la manipulación y visualización de datos, como **ggplot2**, **dplyr** y **tidyr**. El paquete **rstudioapi** permite establecer el directorio de trabajo automáticamente, lo que facilita la organización de los archivos.
2. **Establecimiento del directorio de trabajo**: La función `setwd()` establece el directorio de trabajo en la ubicación del script actual, utilizando `rstudioapi::getActiveDocumentContext()$path`. Esto asegura que los archivos se encuentren en la misma carpeta que el script, mejorando la reproducibilidad.
3. **Importación de datos**: La función `read_csv()` del paquete **readr** se utiliza para leer archivos CSV. La función `head()` permite visualizar las primeras filas del conjunto de datos, proporcionando una vista previa de su estructura.

14.3.1.1 Notas importantes

1. Es fundamental asegurarse de que el archivo `datos_estudiantes.csv` esté ubicado en el directorio de trabajo establecido.
2. Si el archivo no se encuentra en el directorio especificado, se generará un error. En ese caso, se puede verificar la ubicación del archivo con `getwd()` o establecer manualmente el directorio con `setwd("ruta/del/directorio")`.

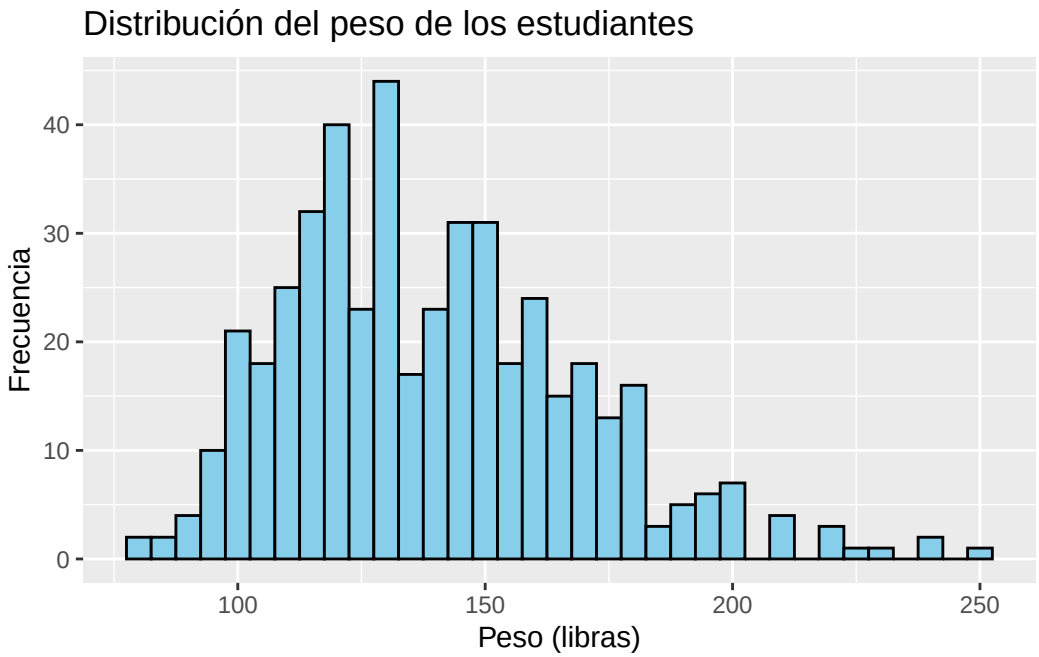
14.3.2 Histogramas

Los histogramas son gráficos que permiten visualizar la distribución de una variable numérica, mostrando cómo se agrupan los valores en intervalos específicos. Son útiles para identificar patrones, como la simetría, la dispersión, la presencia de valores atípicos o la forma general de la distribución (e.g., normal, sesgada, etc.).

14.3.2.1 Ejemplo práctico: Creación de un histograma

El siguiente código muestra cómo crear un histograma utilizando **ggplot2** para explorar la distribución del peso de los estudiantes:

```
# Ejemplo práctico: Creación de un histograma
ggplot(data = datos, aes(x = PESO_lbs)) +
  geom_histogram(binwidth = 5, fill = "skyblue", color = "black") +
  labs(title = "Distribución del peso de los estudiantes",
       x = "Peso (libras)",
       y = "Frecuencia")
```



Explicación del código:

1. **ggplot(data = datos, aes(x = PESO_lbs)):** Se define el conjunto de datos (`datos`) y se especifica la variable numérica que se desea analizar (`PESO_lbs`) dentro de la función `aes()`. Esta variable se asigna al eje X, ya que el histograma representa la frecuencia de los valores en este eje.

2. **geom_histogram():** Esta función geométrica es la encargada de crear el histograma. Cada barra representa la frecuencia de los valores que caen dentro de un intervalo específico.

3. **Argumento binwidth:** El parámetro `binwidth` define el ancho de los intervalos (o "bins") en los que se agrupan los datos. En este caso, se establece un ancho de 5 unidades, lo que significa que cada barra del histograma abarca un rango de 5 libras.

   Un valor más pequeño de `binwidth` genera más barras, proporcionando mayor detalle, mientras que un valor más grande agrupa los datos en menos barras, mostrando una visión más general.

4. **Argumentos fill y color:**

   `fill`: Define el color de relleno de las barras. En este ejemplo, se utiliza el color "skyblue" para un diseño visualmente atractivo.

   `color`: Define el color del borde de las barras, que en este caso es negro ("black"). Esto ayuda a diferenciar claramente las barras entre sí.

5. **labs():** La función `labs()` se utiliza para añadir etiquetas descriptivas al gráfico:

   `title`: Título principal del gráfico, que describe el propósito del histograma.

   `x`: Etiqueta del eje X, que indica la variable representada (en este caso, el peso en libras).

`y`: Etiqueta del eje Y, que muestra la frecuencia de los valores.

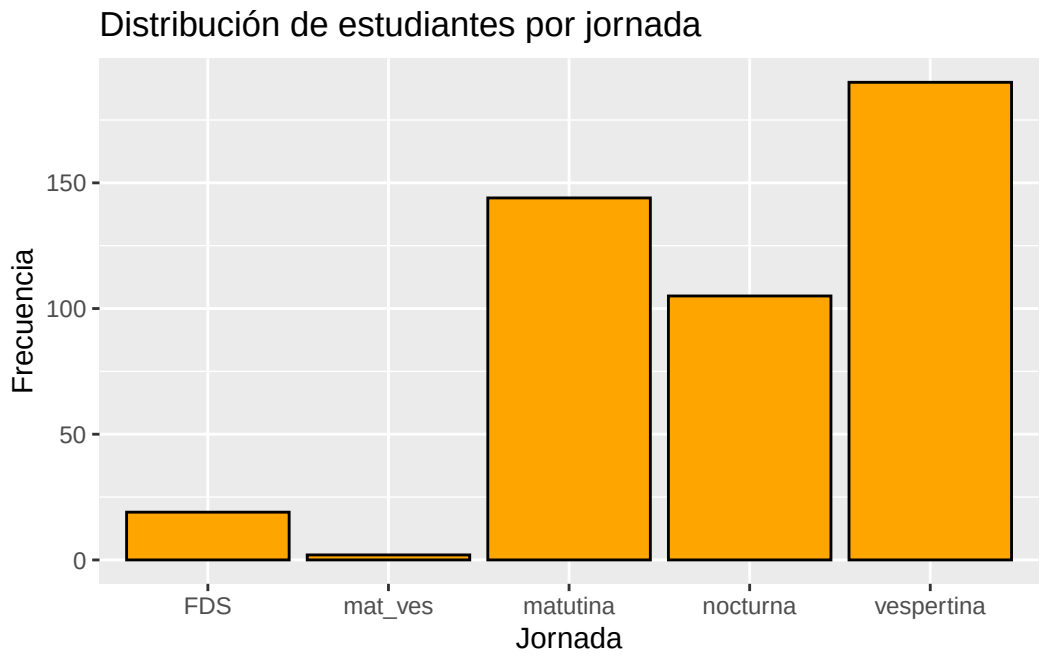
14.3.3 Gráficos de barras

Los gráficos de barras son ideales para representar datos categóricos, mostrando la frecuencia o el conteo de observaciones en cada categoría. Este tipo de gráfico es útil para comparar grupos o categorías de manera visual y sencilla.

14.3.3.1 Ejemplo práctico: Creación de un gráfico de barras

El siguiente código muestra cómo crear un gráfico de barras utilizando **ggplot2** para analizar la distribución de estudiantes según su jornada:

```
# Ejemplo práctico: Creación de un gráfico de barras
ggplot(data = datos, aes(x = JORNADA)) +
  geom_bar(fill = "orange", color = "black") +
  labs(title = "Distribución de estudiantes por jornada",
       x = "Jornada",
       y = "Frecuencia")
```



Explicación del código:

1. **ggplot(data = datos, aes(x = JORNADA))**: Se define el conjunto de datos (`datos`) y se especifica la variable categórica `JORNADA` dentro de la función `aes()`. Esta variable se asigna al eje X, ya que el gráfico de barras representa las categorías en este eje.

2. **geom_bar():** Esta función geométrica genera el gráfico de barras. Por defecto, `geom_bar()` cuenta automáticamente las observaciones en cada categoría de la variable especificada en el eje X.

3. **Argumentos fill y color**:

   `fill`: Define el color de relleno de las barras. En este ejemplo, se utiliza el color "orange" para un diseño llamativo.

   `color`: Define el color del borde de las barras, que en este caso es negro ("black"). Esto ayuda a resaltar las barras y separarlas visualmente.

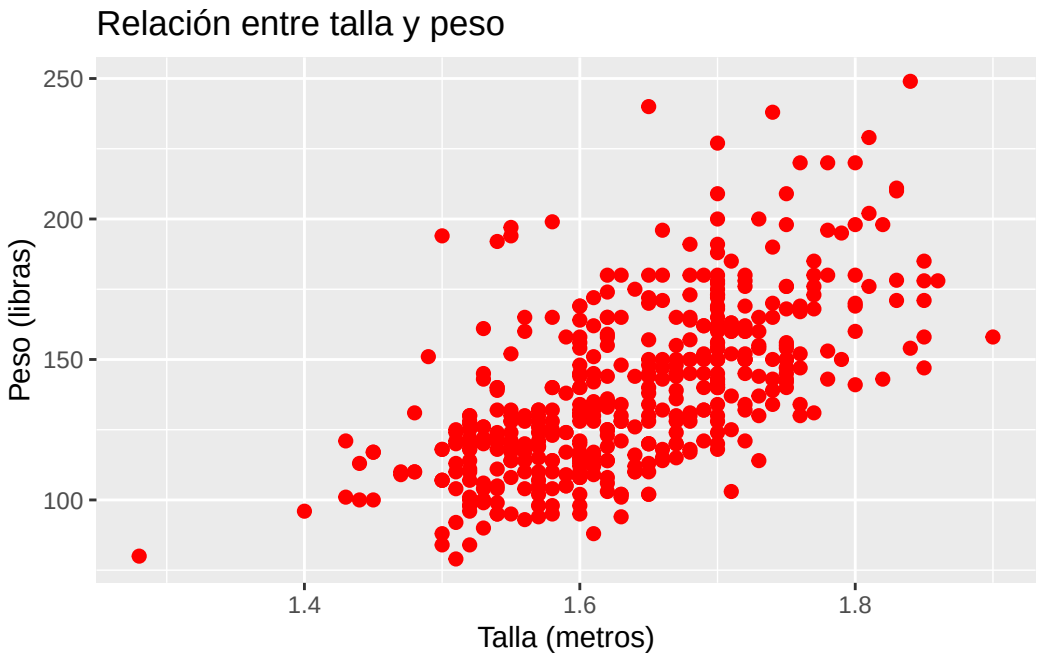
14.3.4 Gráficos de dispersión (scatterplots)

Los gráficos de dispersión son herramientas visuales que permiten analizar la relación entre dos variables numéricas. Cada punto en el gráfico representa una observación, donde la posición en el eje X corresponde al valor de una variable y la posición en el eje Y al valor de la otra. Este tipo de gráfico es útil para identificar patrones, tendencias, correlaciones y posibles valores atípicos.

14.3.4.1 Ejemplo práctico: Creación de un gráfico de dispersión

El siguiente código muestra cómo crear un gráfico de dispersión utilizando **ggplot2** para explorar la relación entre la talla y el peso de los estudiantes:

```
# Ejemplo práctico: Creación de un gráfico de dispersión
ggplot(data = datos, aes(x = TALLA, y = PESO_lbs)) +
  geom_point(color = "red", size = 2) +
  labs(title = "Relación entre talla y peso",
       x = "Talla (metros)",
       y = "Peso (libras)")
```



1. **ggplot(data = datos, aes(x = TALLA, y = PESO_lbs))**: Se define el conjunto de datos (`datos`) y se especifican las variables numéricas que se desean analizar:

   `TALLA`: Variable asignada al eje X (talla en metros).

   `PESO_lbs`: Variable asignada al eje Y (peso en libras).

2. **geom_point()**: Esta función geométrica dibuja los puntos en el gráfico, representando cada observación del conjunto de datos.

3. **Argumentos color y size**:

   `color`: Define el color de los puntos. En este ejemplo, los puntos se dibujan en rojo ("red").

   `size`: Define el tamaño de los puntos. Aquí se establece un tamaño de 2 para que los puntos sean más visibles.

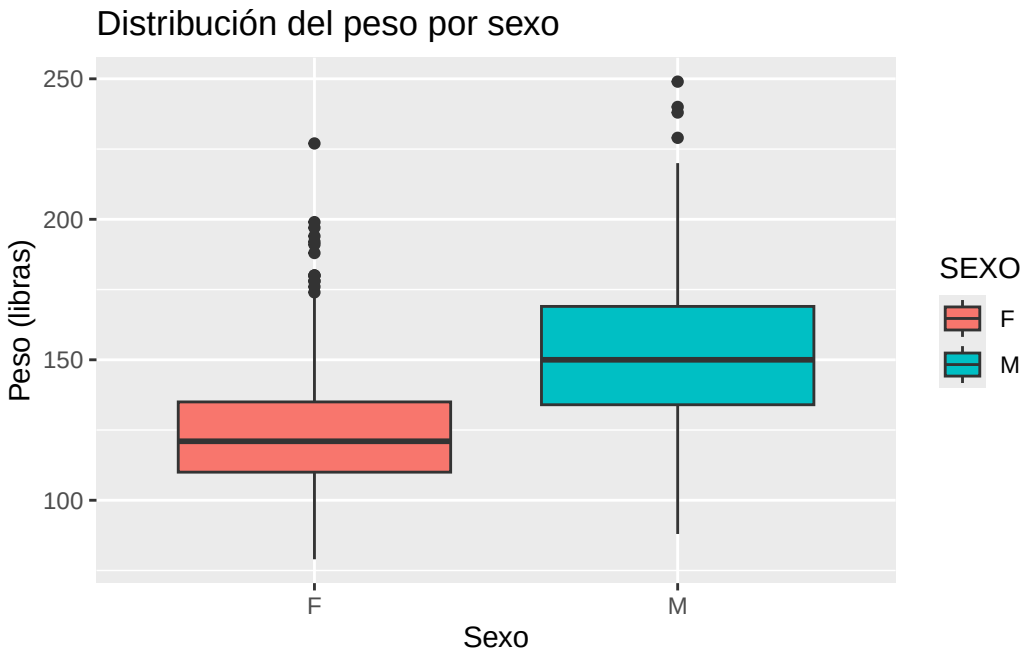
14.3.5 Boxplots

Los *boxplots* (o diagramas de caja y bigotes) son gráficos que permiten visualizar la distribución de una variable numérica y compararla entre diferentes grupos categóricos. Este tipo de gráfico es útil para identificar la mediana, la dispersión, los valores atípicos y la simetría de los datos dentro de cada grupo.

14.3.5.1 Ejemplo práctico: Creación de un boxplot

El siguiente código muestra cómo crear un *boxplot* utilizando **ggplot2** para analizar la distribución del peso de los estudiantes según su sexo:

```r
ggplot(data = datos, aes(x = SEXO, y = PESO_lbs, fill = SEXO)) +
  geom_boxplot() +
  labs(title = "Distribución del peso por sexo",
       x = "Sexo",
       y = "Peso (libras)")
```



Explicación del código

1. **ggplot(data = datos, aes(x = SEXO, y = PESO_lbs, fill = SEXO))**: Se define el conjunto de datos (`datos`) y se especifican las variables:

   `SEXO`: Variable categórica asignada al eje X, que define los grupos a comparar.

   `PESO_lbs`: Variable numérica asignada al eje Y, cuya distribución se analiza dentro de cada grupo.

   `fill`: Argumento opcional que asigna un color de relleno diferente a cada grupo basado en la variable `SEXO`.

2. **geom_boxplot()**: Esta función geométrica genera el *boxplot*. Cada caja representa la distribución de la variable numérica dentro de un grupo categórico.

14.3.5.2 Elementos clave de un boxplot

Un *boxplot* incluye los siguientes elementos visuales:

1. **Caja (box)**: Representa el rango intercuartílico (IQR), que abarca del primer cuartil (Q1) al tercer cuartil (Q3).
2. **Línea dentro de la caja**: Indica la mediana de los datos.

3. **Bigotes (whiskers)**: Extienden los valores hasta 1.5 veces el IQR desde los cuartiles Q1 y Q3.
4. **Puntos fuera de los bigotes**: Representan valores atípicos (*outliers*), que están fuera del rango esperado.

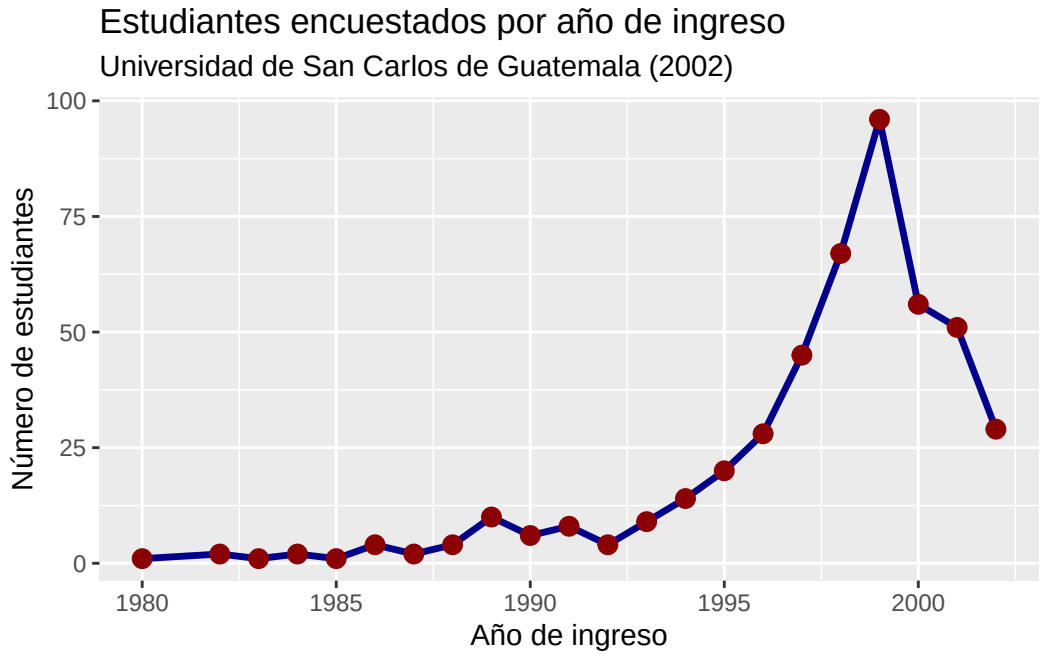
14.3.6 Gráfico de líneas

Los gráficos de líneas son ideales para visualizar tendencias a lo largo del tiempo o en secuencias de datos ordenados. Este tipo de gráfico es especialmente útil para identificar patrones, como aumentos, disminuciones o fluctuaciones en los datos.

14.3.6.1 Ejemplo práctico: Creación de un gráfico de líneas

El siguiente código muestra cómo crear un gráfico de líneas utilizando **ggplot2** para visualizar la cantidad de estudiantes encuestados por año de ingreso:

```
# Crear un gráfico de líneas de estudiantes por año de ingreso
ggplot(data = datos, aes(x = AÑO_ING)) +
  geom_line(stat = "count", color = "darkblue", linewidth = 1.2) +
  geom_point(stat = "count", color = "darkred", size = 3) +
  labs(title = "Estudiantes encuestados por año de ingreso",
       subtitle = "Universidad de San Carlos de Guatemala (2002)",
       x = "Año de ingreso",
       y = "Número de estudiantes")
```



Explicación del código

1. **ggplot(data = datos, aes(x = AÑO_ING))**: Se define el conjunto de datos (`datos`) y se especifica la variable `AÑO_ING` como el eje X, que representa los años de ingreso de los estudiantes. En este caso, no se especifica una variable para el eje Y, ya que el conteo de estudiantes por año se calcula automáticamente con `stat = "count"`.

2. **geom_line(stat = "count", color = "darkblue", linewidth = 1.2)**: La función `geom_line()` genera la línea que conecta los puntos correspondientes al conteo de estudiantes por año.

   `stat = "count"` indica que se debe contar automáticamente el número de observaciones en cada categoría del eje X.

   `color`: Define el color de la línea (en este caso, azul oscuro).

   `linewidth`: Ajusta el grosor de la línea (1.2 en este ejemplo).

3. **geom_point(stat = "count", color = "darkred", size = 3)**: La función `geom_point()` añade puntos en cada categoría del eje X, representando el conteo de estudiantes.

   `stat = "count"` asegura que los puntos correspondan al conteo calculado.

   `color`: Define el color de los puntos (en este caso, rojo oscuro).

   `size`: Ajusta el tamaño de los puntos (3 en este ejemplo).

14.4 Personalización de gráficos

La personalización de gráficos en **ggplot2** permite adaptarlos a diferentes necesidades, mejorando tanto su presentación como su capacidad para comunicar información de manera efectiva. A continuación, se describen algunas de las opciones más comunes, comenzando con la personalización de colores.

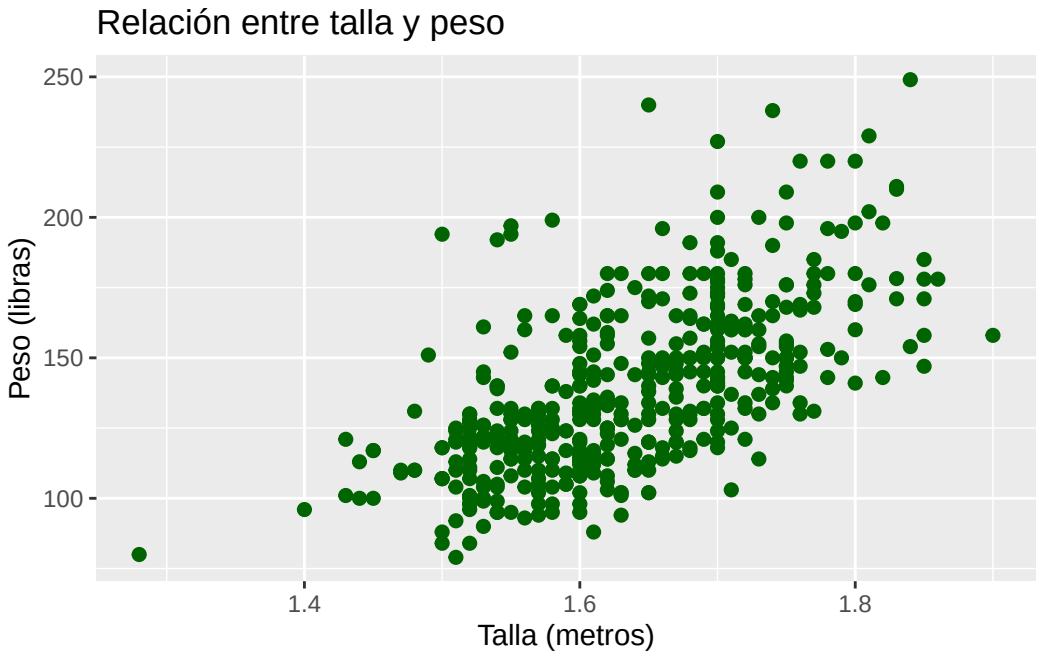
14.4.1 Personalización de colores

En **ggplot2**, es posible modificar los colores de los elementos del gráfico, como puntos, barras o líneas, para destacar información clave o mejorar la estética general. Esto se puede lograr utilizando argumentos como `color` (para bordes o contornos) y `fill` (para colores de relleno).

14.4.1.1 Personalización de colores en un gráfico de dispersión

El siguiente código muestra cómo personalizar el color de los puntos en un gráfico de dispersión:

```r
# Personalización de colores en un gráfico de dispersión
ggplot(data = datos, aes(x = TALLA, y = PESO_lbs)) +
  geom_point(color = "darkgreen", size = 2) +
  labs(title = "Relación entre talla y peso",
       x = "Talla (metros)",
       y = "Peso (libras)")
```



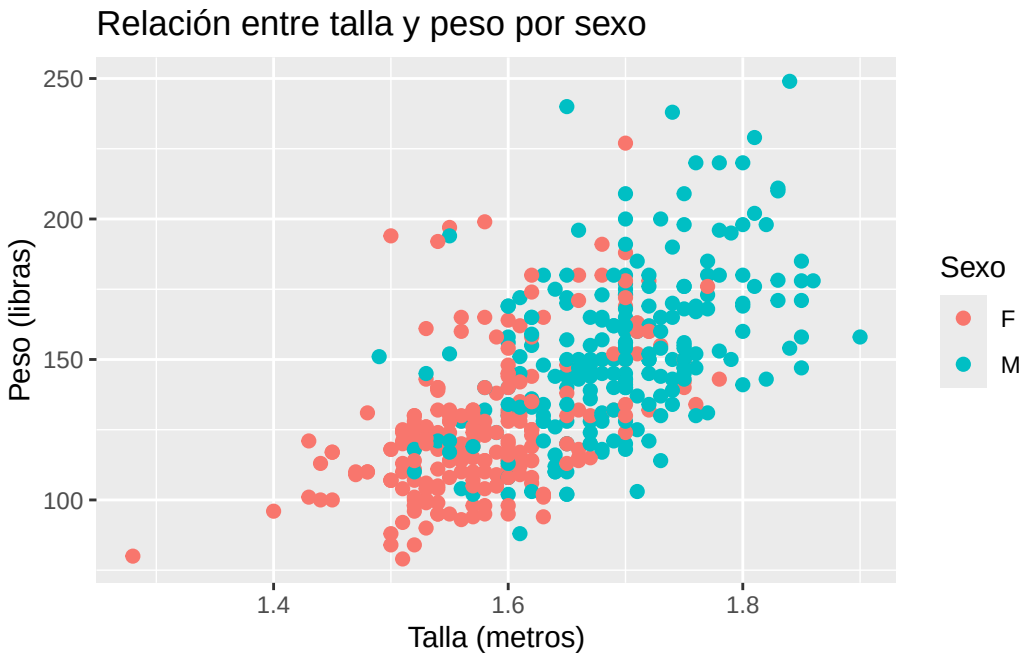
En este ejemplo:

1. `color = "darkgreen"` define el color de los puntos como verde oscuro.
2. `size = 2` ajusta el tamaño de los puntos para mejorar su visibilidad.

14.4.1.2 Personalización de colores por grupo

Si se desea asignar colores diferentes a los puntos según una variable categórica, se puede incluir el argumento `color` dentro de `aes()`:

```r
# Personalización de colores por grupo
ggplot(data = datos, aes(x = TALLA, y = PESO_lbs, color = SEXO)) +
  geom_point(size = 2) +
  labs(title = "Relación entre talla y peso por sexo",
       x = "Talla (metros)",
       y = "Peso (libras)",
       color = "Sexo")
```



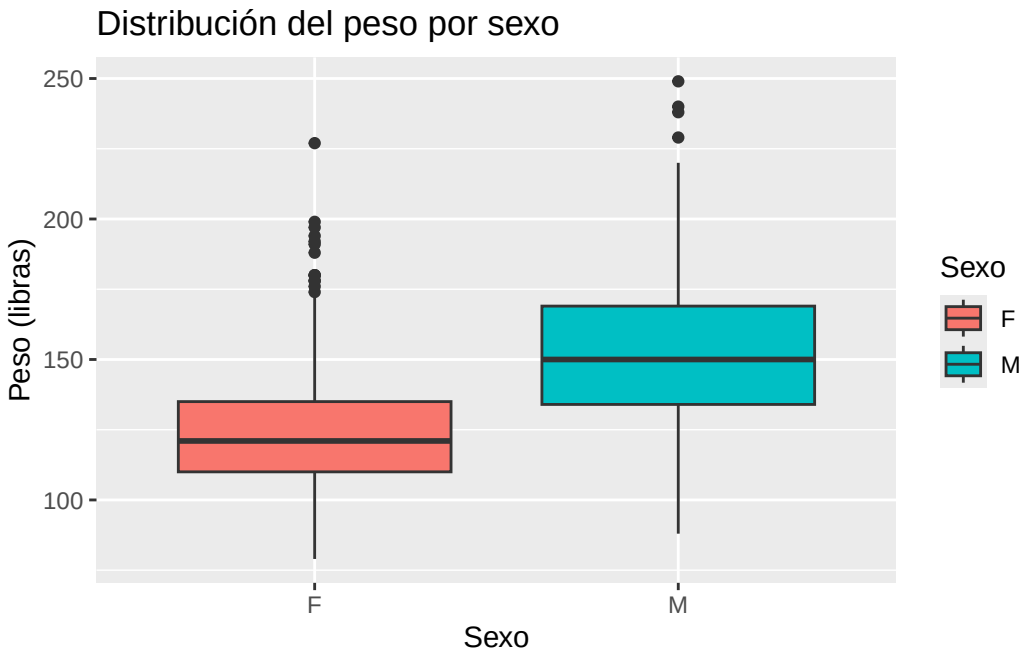
En este ejemplo:

1. Los puntos se colorean automáticamente según los valores de la variable `SEXO`.
2. La leyenda se genera de forma automática para indicar el significado de los colores.

14.4.1.3 Personalización de colores en gráficos con relleno

En gráficos como barras o *boxplots*, se utiliza el argumento `fill` para personalizar el color de relleno:

```
# Personalización de colores en gráficos con relleno
ggplot(data = datos, aes(x = SEXO, y = PESO_lbs, fill = SEXO)) +
  geom_boxplot() +
  labs(title = "Distribución del peso por sexo",
       x = "Sexo",
       y = "Peso (libras)",
       fill = "Sexo")
```

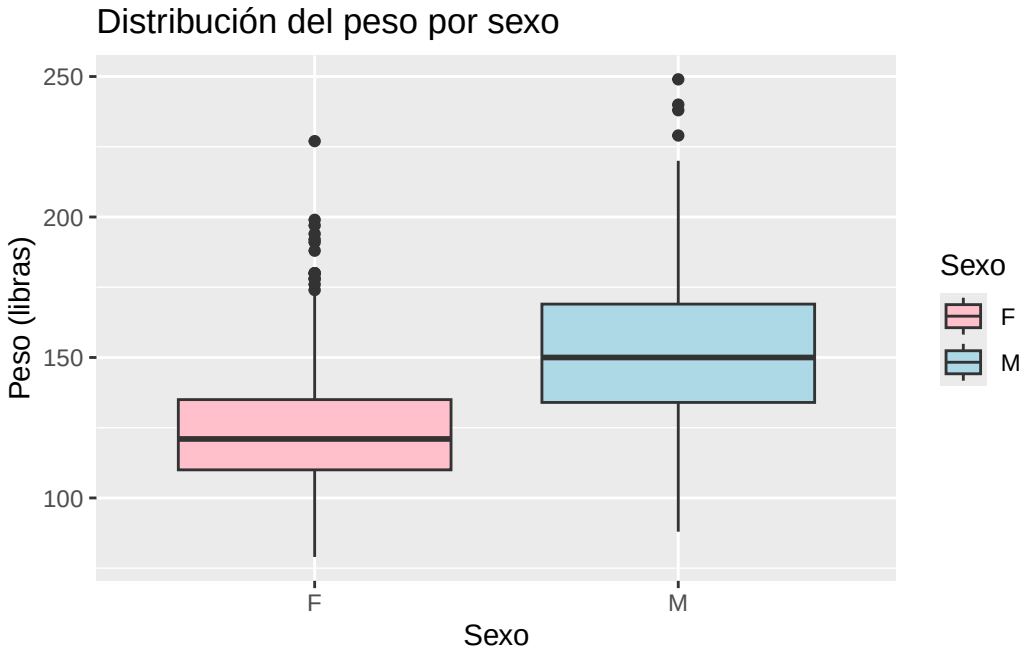


En este ejemplo, las cajas del *boxplot* se rellenan con colores diferentes según la variable `SEXO`.

14.4.1.4 Escalas de color personalizadas

Para un mayor control sobre los colores, se pueden definir escalas personalizadas utilizando funciones como `scale_color_manual()` o `scale_fill_manual()`:

```
# Escalas de color personalizadas
ggplot(data = datos, aes(x = SEXO, y = PESO_lbs, fill = SEXO)) +
  geom_boxplot() +
  scale_fill_manual(values = c(  "pink", "lightblue")) +
  labs(title = "Distribución del peso por sexo",
       x = "Sexo",
       y = "Peso (libras)",
       fill = "Sexo")
```



En este ejemplo, se asignan colores específicos a cada categoría de la variable `SEXO`, R realiza la realiza la asignación de los colores de la escala en orden alfabético de las variables categóricas.

14.4.2 Etiquetas y títulos

En **ggplot2**, es posible añadir y personalizar títulos, subtítulos y etiquetas de los ejes para mejorar la claridad y presentación de los gráficos. Estas etiquetas ayudan a contextualizar la información y a facilitar su interpretación.

14.4.2.1 Personalización de títulos y etiquetas

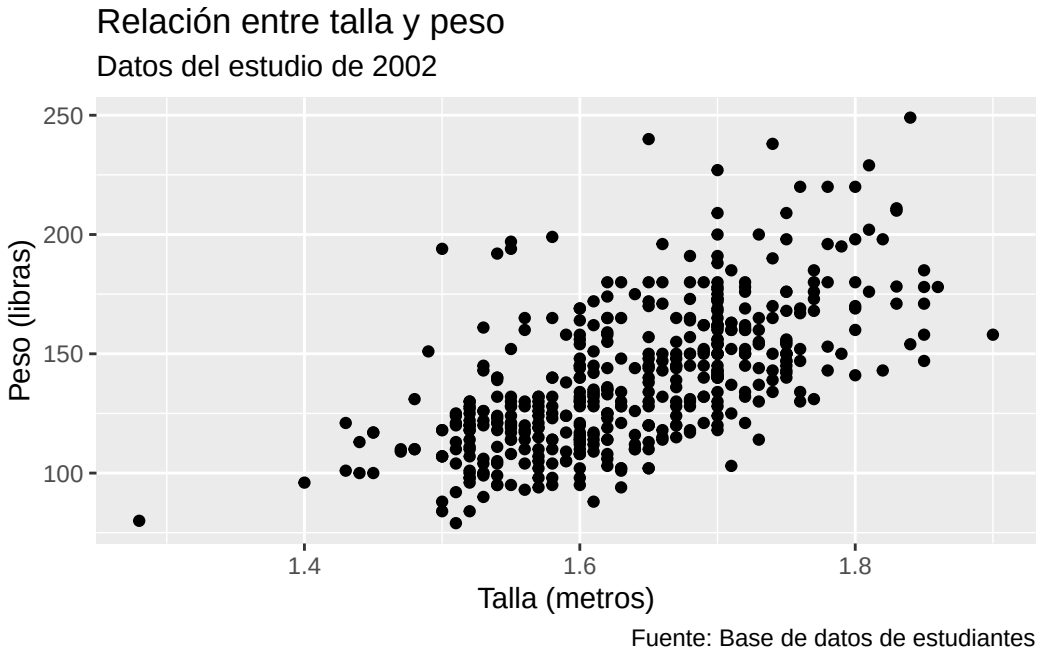
La función `labs()` se utiliza para añadir y personalizar los siguientes elementos:

1. **`title`**: Título principal del gráfico, que describe su propósito o contenido.
2. **`subtitle`**: Subtítulo que proporciona información adicional o contexto.
3. **`x`**: Etiqueta del eje X, que describe la variable representada en este eje.
4. **`y`**: Etiqueta del eje Y, que describe la variable representada en este eje.
5. **`caption`** (opcional): Texto adicional, como la fuente de los datos o notas aclaratorias.

14.4.2.2 Añadir subtítulos y etiquetas personalizadas

El siguiente código muestra cómo personalizar títulos, subtítulos y etiquetas de los ejes en un gráfico de dispersión:

```
# Añadir subtítulos y etiquetas personalizadas
ggplot(data = datos, aes(x = TALLA, y = PESO_lbs)) +
  geom_point() +
  labs(title = "Relación entre talla y peso",
       subtitle = "Datos del estudio de 2002",
       x = "Talla (metros)",
       y = "Peso (libras)",
       caption = "Fuente: Base de datos de estudiantes")
```



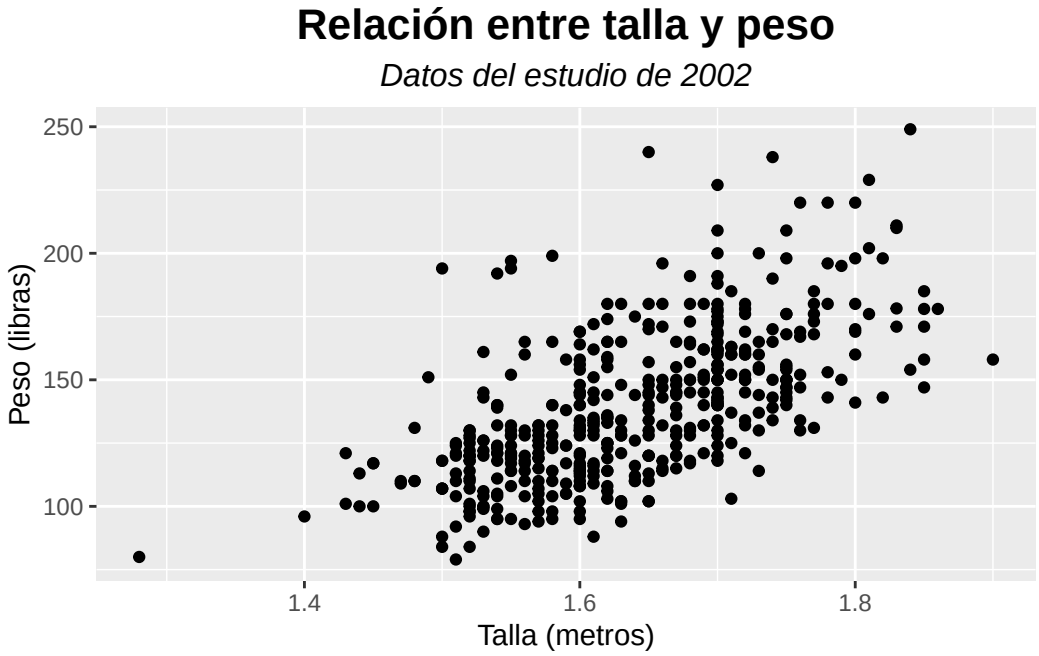
En este ejemplo:

1. `title` añade un título descriptivo al gráfico.
2. `subtitle` proporciona contexto adicional, como el año del estudio.
3. `x` y `y` personalizan las etiquetas de los ejes, indicando las unidades de medida.
4. `caption` incluye una nota al pie con la fuente de los datos.

14.4.2.3 Ajuste de la posición y estilo de los títulos

Se puede personalizar la posición, tamaño y estilo de los títulos utilizando la función `theme()`:

```r
# Ajuste de la posición y estilo de los títulos
ggplot(data = datos, aes(x = TALLA, y = PESO_lbs)) +
  geom_point() +
  labs(title = "Relación entre talla y peso",
       subtitle = "Datos del estudio de 2002",
       x = "Talla (metros)",
       y = "Peso (libras)") +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5,
                                  size = 16,
                                  face = "bold"),
        plot.subtitle = element_text(hjust = 0.5,
                                     size = 12,
                                     face = "italic"))
```



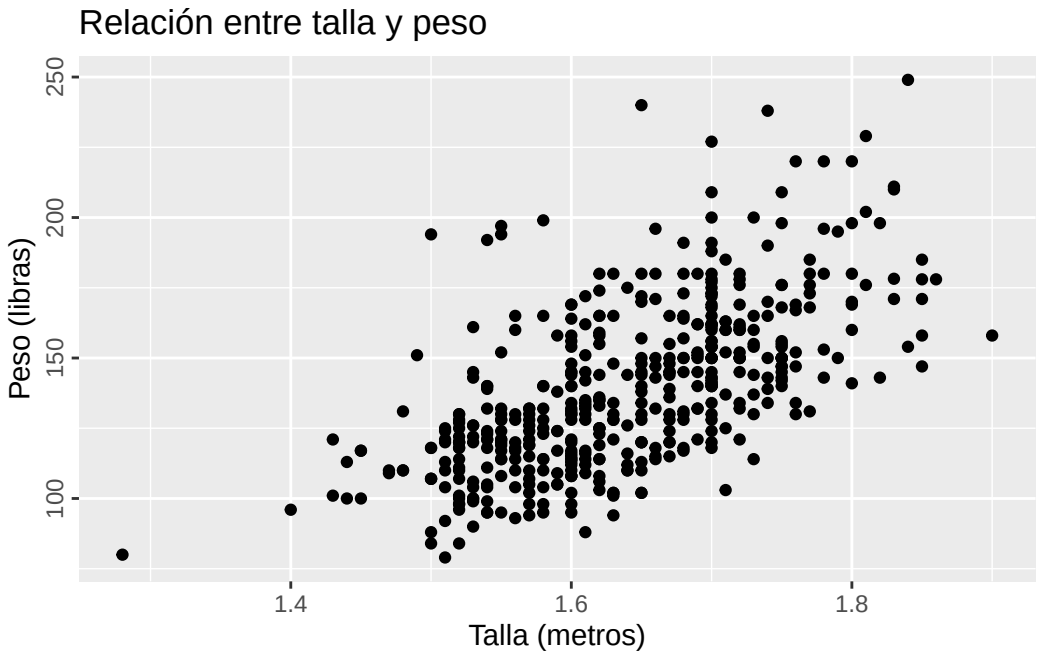
En este ejemplo:

1. `hjust = 0.5` centra el título y el subtítulo.
2. `size` ajusta el tamaño del texto.
3. `face` define el estilo del texto (`"bold"` para negrita, `"italic"` para cursiva).

14.4.2.4 Rotación de etiquetas en los ejes

Si las etiquetas del eje X son largas o numerosas, se pueden rotar para mejorar la legibilidad:

```r
# Rotación de etiquetas en los ejes
ggplot(data = datos, aes(x = TALLA, y = PESO_lbs)) +
  geom_point() +
  labs(title = "Relación entre talla y peso",
       x = "Talla (metros)",
       y = "Peso (libras)") +
  theme(axis.text.y = element_text(angle = 90, hjust = 0.5))
```



En este ejemplo, las etiquetas del eje Y se rotan 90 grados.

14.4.3 Temas

En **ggplot2**, los temas permiten modificar el estilo general de un gráfico, ajustando elementos como el fondo, las líneas de los ejes, las fuentes y la disposición de los textos. Esto facilita la creación de gráficos con un diseño coherente y adaptado a diferentes propósitos, como presentaciones, informes o publicaciones.

14.4.3.1 Aplicación de temas predefinidos

ggplot2 incluye varios temas predefinidos que se pueden aplicar directamente para cambiar el estilo del gráfico. Algunos de los más comunes son:

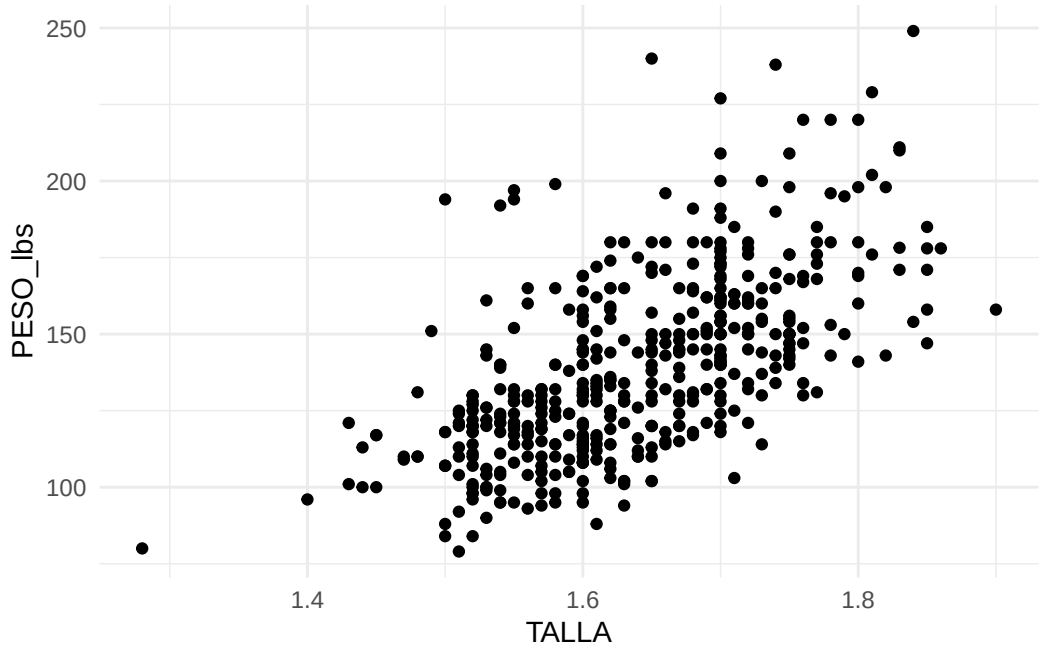
1. `theme_minimal()`: Un diseño limpio y moderno, con un fondo blanco y líneas simples.
2. `theme_classic()`: Un estilo clásico con líneas de ejes visibles y sin cuadrícula.
3. `theme_light()`: Similar a `theme_minimal()`, pero con cuadrículas más visibles.

4. **`theme_dark()`**: Un diseño con fondo oscuro, ideal para presentaciones.
5. **`theme_void()`**: Un gráfico sin ejes ni cuadrículas, útil para gráficos personalizados.

14.4.3.2 Ejemplo: Aplicar un tema minimalista

El siguiente código muestra cómo aplicar el tema `theme_minimal()` a un gráfico de dispersión:

```
# Ejemplo: Aplicar un tema minimalista
ggplot(data = datos, aes(x = TALLA, y = PESO_lbs)) +
  geom_point() +
  theme_minimal()
```



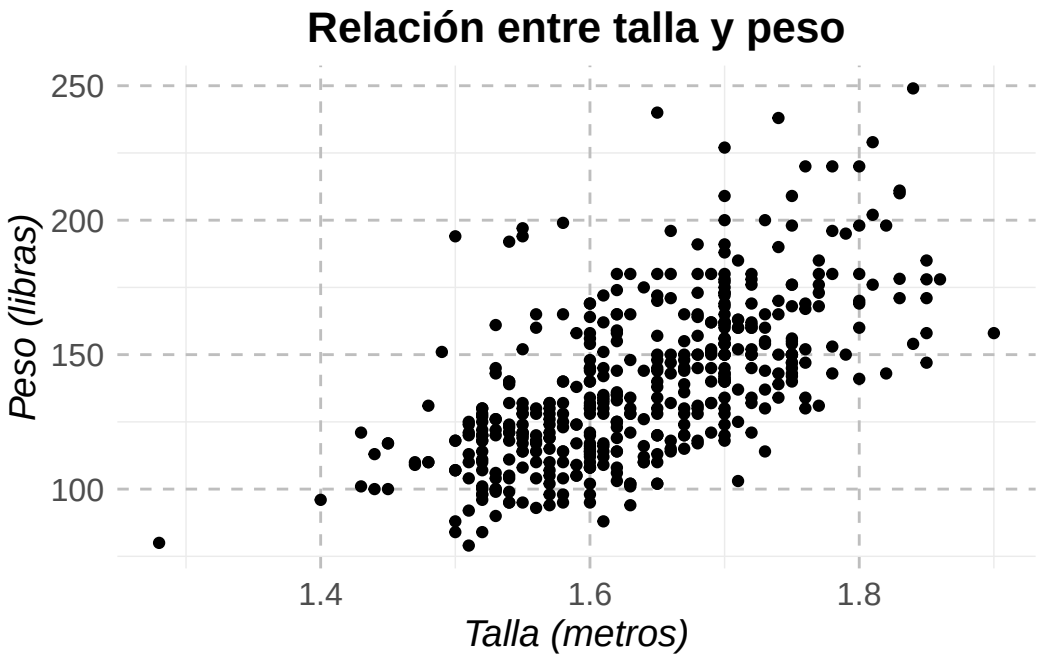
En este ejemplo: `theme_minimal()` elimina elementos innecesarios, como bordes y fondos grises, dejando un diseño limpio y profesional.

14.4.3.3 Ejemplo: personalización de temas

Además de los temas predefinidos, es posible personalizar elementos específicos del gráfico utilizando la función `theme()`. Por ejemplo:

```
# Personalización de temas
ggplot(data = datos, aes(x = TALLA, y = PESO_lbs)) +
  geom_point() +
  theme_minimal() +
  theme(
    plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 16, face = "bold"),
```

```
    axis.text = element_text(size = 12),
    axis.title = element_text(size = 14, face = "italic"),
    panel.grid.major = element_line(color = "gray", linetype = "dashed")
  ) +
  labs(title = "Relación entre talla y peso",
       x = "Talla (metros)",
       y = "Peso (libras)")
```



En este ejemplo:

1. `plot.title` centra el título y ajusta su tamaño y estilo.
2. `axis.text` y `axis.title` modifican el tamaño y estilo de las etiquetas de los ejes.
3. `panel.grid.major` personaliza las líneas de la cuadrícula principal, cambiando su color y estilo.

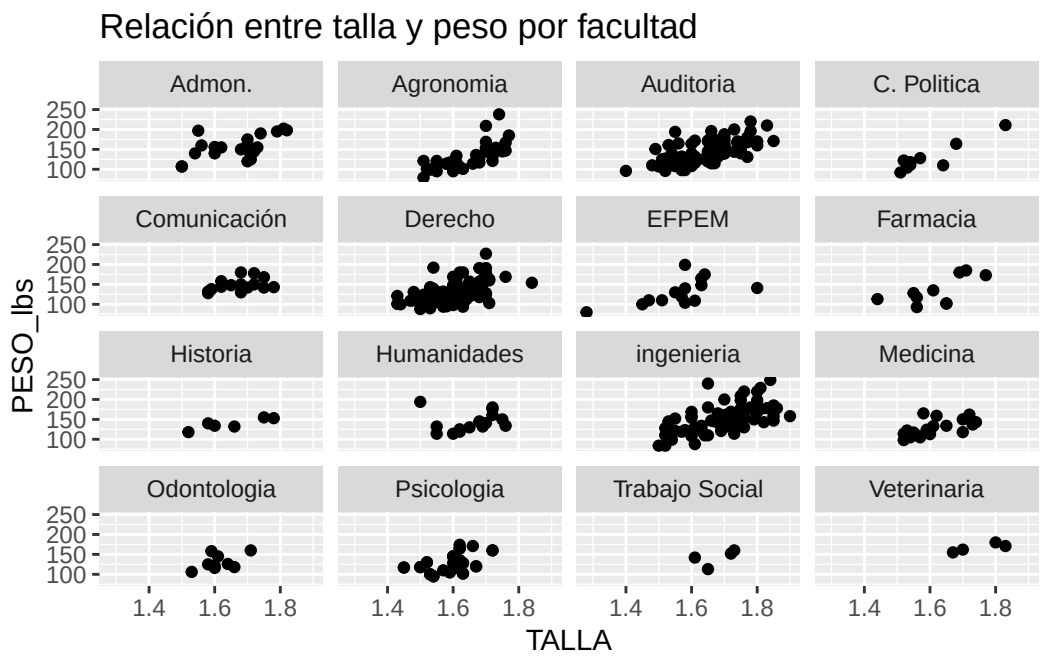
14.4.4 Facetas

Las facetas en **ggplot2** permiten dividir un gráfico en múltiples subgráficos basados en los valores de una variable categórica. Esto es especialmente útil para comparar patrones o relaciones entre diferentes grupos dentro de un conjunto de datos, manteniendo la coherencia visual.

14.4.4.1 Ejemplo: relación entre talla y peso por facultad

El siguiente código muestra cómo utilizar facetas para analizar la relación entre talla y peso, separando los datos por facultad:

```r
# Ejemplo: relación entre talla y peso por facultad
ggplot(data = datos, aes(x = TALLA, y = PESO_lbs)) +
  geom_point() +
  facet_wrap(~ FACULTAD) +
  labs(title = "Relación entre talla y peso por facultad")
```



En este ejemplo:

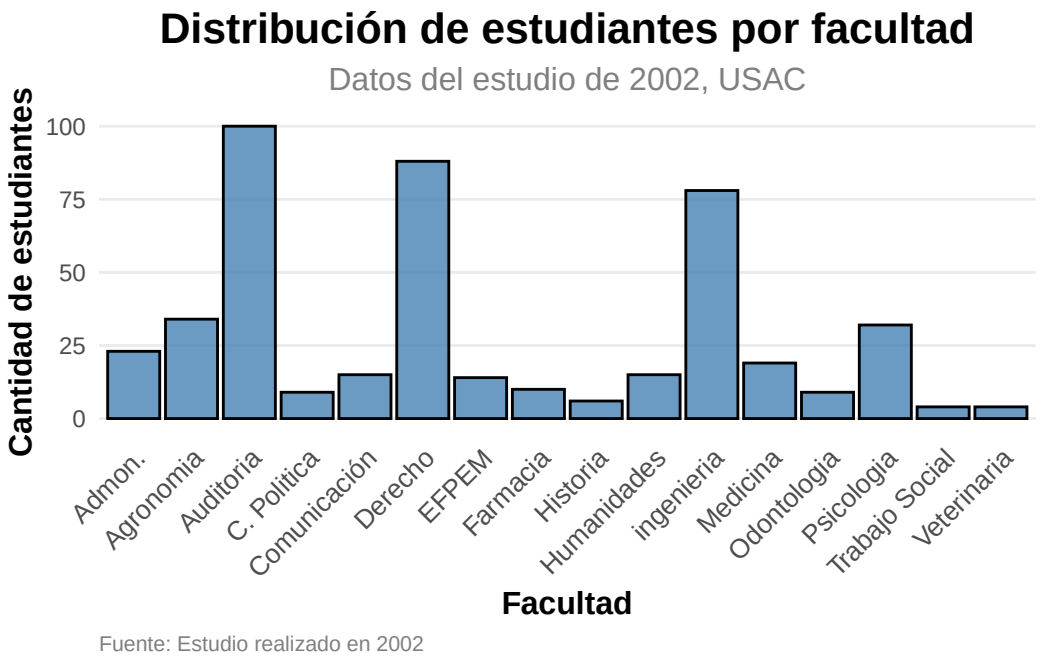
1. `facet_wrap(~ FACULTAD)` divide el gráfico en subgráficos, uno para cada valor único de la variable `FACULTAD`.
2. Cada subgráfico muestra la relación entre `TALLA` y `PESO_lbs` para una facultad específica.

14.4.5 Ejemplo avanzado de personalización

La flexibilidad y la lógica de capas de **ggplot2** permiten crear gráficos con un alto grado de personalización, adaptados a necesidades específicas y con un diseño profesional. A continuación, se presenta un ejemplo de un gráfico de barras con personalización detallada:

```r
# Ejemplo avanzado de personalización
ggplot(data = datos, aes(x = FACULTAD)) +
  geom_bar(fill = "steelblue", color = "black", alpha = 0.8) +
  labs(
    title = "Distribución de estudiantes por facultad",
    subtitle = "Datos del estudio de 2002, USAC",
    x = "Facultad",
    y = "Cantidad de estudiantes",
```

```
    caption = "Fuente: Estudio realizado en 2002"
  ) +
  theme_minimal() +
  theme(
    plot.title = element_text(size = 16, face = "bold", hjust = 0.5),
    plot.subtitle = element_text(size = 12, hjust = 0.5, color = "gray50"),
    axis.title = element_text(size = 12, face = "bold"),
    axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size = 10),
    panel.grid.major.x = element_blank(),
    panel.grid.minor = element_blank(),
    plot.caption = element_text(hjust = 0, size = 8, color = "gray50")
  )
```



14.4.5.1 Explicación del código

1. **Datos y mapeo estético**: `aes(x = FACULTAD)`: Se utiliza la variable `FACULTAD` directamente desde la base de datos para el eje X.
2. **Gráfico de barras**: `geom_bar()`: Genera automáticamente las barras basándose en la frecuencia de cada categoría. En el ejemplo se utilizaron los siguientes argumentos:

   `fill = "steelblue"`: Define el color de relleno de las barras como azul acero.

   `color = "black"`: Establece el color de los bordes de las barras en negro.

   `alpha = 0.8`: Ajusta la transparencia de las barras, permitiendo un diseño más suave.
3. **Etiquetas y títulos**: `labs()`: Añade un título principal, subtítulo, etiquetas para los ejes y una nota al pie con la fuente de los datos.

4. **Tema profesional**: `theme_minimal()`: Aplica un diseño limpio y moderno.
5. **Personalización específica:** `theme()`: Personaliza elementos específicos del gráfico empleando los siguiente argumentos:

   `plot.title`: Ajusta el tamaño, estilo (negrita) y posición (centrado) del título.

   `plot.subtitle`: Cambia el tamaño, posición y color del subtítulo.

   `axis.title`: Modifica el tamaño y estilo de las etiquetas de los ejes.

   `axis.text.x`: Rota las etiquetas del eje X 45 grados para mejorar la legibilidad, especialmente si las categorías tienen nombres largos.

   `panel.grid.major.x` y `panel.grid.minor`: Elimina las líneas de cuadrícula verticales y menores para un diseño más limpio.

   `plot.caption`: Ajusta el tamaño, posición y color de la nota al pie.

Parte V

Gestión y Exportación de resultados

15 Introducción a la Gestión de Proyectos en R

15.1 Notas:

En esta sección se deberá abordar los conceptos clave como github y conceptos de exportación de resultados de análisis y se ampliara la sección de organización de proyectos y recomendaciones al gestionarlos en el formato de carpetas y subcarpetas, hay que revisar la sección inicial donde se hace una introducción a estos temas para evitar ser redundante por lo que hay que desarrollar ambas secciones de la mano.

16 Exportación de Resultados de Análisis en R

La exportación de resultados es una etapa crucial en el análisis de datos, ya que permite guardar gráficos y tablas para su uso en informes, presentaciones o análisis posteriores. En esta sección, se detalla cómo guardar gráficos en formatos **PNG** y **PDF** utilizando la función `ggsave()` del paquete `ggplot2`, y cómo exportar tablas en formatos **CSV** y **Excel** utilizando las funciones `write.csv()` y `write_xlsx()` del paquete `writexl`. Estas herramientas son esenciales para garantizar que los resultados del análisis sean accesibles y reutilizables (R Core Team, 2023; Wickham, 2016).

16.1 La función `ggsave()`

La función `ggsave()` pertenece al paquete `ggplot2` y se utiliza para guardar gráficos en diferentes formatos de archivo, como **PNG**, **PDF**, **JPEG**, entre otros. Es una herramienta versátil que permite personalizar aspectos como el tamaño, la resolución y el formato del archivo de salida (Wickham, 2016).

La sintaxis general de la función es la siguiente:

```
ggsave(
  filename,
  plot = last_plot(),
  device = NULL,
  path = NULL,
  scale = 1,
  width = NA,
  height = NA,
  units = c("in", "cm", "mm"),
  dpi = 300,
  limitsize = TRUE)
```

Descripción de los argumentos principales:

1. **filename:** Este argumento es obligatorio y define el nombre del archivo de salida, incluyendo su extensión (por ejemplo, `"grafico.png"` o `"grafico.pdf"`). La extensión del archivo determina automáticamente el formato en el que se guardará el gráfico, a menos que se especifique explícitamente con el argumento `device`. Es importante asegurarse de que el nombre del archivo sea válido para el sistema operativo utilizado.

2. **plot:** Este argumento opcional permite especificar el gráfico que se desea guardar. Si no se proporciona, `ggsave()` guardará automáticamente el último gráfico creado en la sesión

de R, utilizando la función `last_plot()`. Esto es útil para flujos de trabajo interactivos, pero en proyectos más complejos se recomienda asignar los gráficos a objetos para evitar confusiones.

3. **device:** El argumento `device` define el tipo de dispositivo o formato del archivo de salida, como `"png"`, `"pdf"`, `"jpeg"`, entre otros. Si no se especifica, el formato se deduce automáticamente a partir de la extensión del archivo en `filename`. Este argumento es útil cuando se desea guardar un archivo con un formato específico, independientemente de la extensión.

4. **path:** Este argumento opcional permite especificar el directorio donde se guardará el archivo. Si no se proporciona, el archivo se guardará en el directorio de trabajo actual. Es especialmente útil para organizar los gráficos en carpetas específicas dentro de un proyecto.

5. **scale:** El argumento `scale` ajusta el tamaño del gráfico multiplicando las dimensiones especificadas en `width` y `height` por el valor proporcionado. Por defecto, su valor es `1`, lo que significa que no se aplica escalado. Un valor mayor que `1` aumenta el tamaño del gráfico, mientras que un valor menor lo reduce.

6. **width y height:** Estos argumentos definen el ancho y la altura del gráfico en las unidades especificadas por el argumento `units`. Si no se proporcionan, se utilizan las dimensiones predeterminadas del gráfico. Es importante ajustar estas dimensiones para garantizar que el gráfico se adapte correctamente al formato de salida.

7. **units:** El argumento `units` especifica las unidades de medida para `width` y `height`. Los valores posibles son `"in"` (pulgadas), `"cm"` (centímetros) y `"mm"` (milímetros). Por defecto, se utilizan pulgadas (`"in"`), pero se pueden cambiar según las necesidades del proyecto.

8. **dpi:** El argumento `dpi` (dots per inch) define la resolución del gráfico, siendo relevante para formatos rasterizados como PNG, JPEG o TIFF. Su valor predeterminado es `300`, adecuado para impresión. Para gráficos destinados a la web, se puede utilizar un valor menor, como `72`.

9. **limitsize:** Este argumento controla si se permite guardar gráficos con dimensiones excesivamente grandes (mayores a 50 pulgadas). Si se establece en `TRUE` (valor predeterminado), se genera un error al intentar guardar gráficos grandes. Para desactivar esta restricción, se debe establecer en `FALSE`.

16.2 Guardar en formatos PDF y PNG

Si no se especifica el argumento `plot`, la función `ggsave()` guardará automáticamente el último gráfico creado en la sesión de R. Esto es útil cuando se trabaja de manera interactiva y se desea guardar rápidamente un gráfico sin asignarlo a un objeto. A continuación, se describen los pasos para exportar gráficos en formatos PNG y PDF, junto con un ejemplo.

16.2.1 Crear un gráfico con `ggplot2`

Antes de guardar un gráfico, es necesario crearlo. A continuación, se presenta un ejemplo de un gráfico creado con `ggplot2`:

```
# Instalación y carga de paquetes esenciales

# Paquete que incluye ggplot2, dplyr, tidyr
if (!require("tidyverse")) install.packages("tidyverse")

# Importar la base de datos
datos <- read_csv("datos_estudiantes.csv")

# Ejemplo avanzado de personalización de un gráfico
plot<- ggplot(data = datos, aes(x = FACULTAD)) +
  geom_bar(fill = "steelblue", color = "black", alpha = 0.8) +
  labs(
    title = "Distribución de estudiantes por facultad",
    subtitle = "Datos del estudio de 2002,
    Universidad de San Carlos de Guatemala",
    x = "Facultad",
    y = "Cantidad de estudiantes",
    caption = "Fuente: Estudio realizado en 2002"
  ) +
  theme_minimal() +
  theme(
    plot.title = element_text(size = 16, face = "bold", hjust = 0.5),
    plot.subtitle = element_text(size = 12, hjust = 0.5, color = "gray50"),
    axis.title = element_text(size = 12, face = "bold"),
    axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size = 10),
    panel.grid.major.x = element_blank(),
    panel.grid.minor = element_blank(),
    plot.caption = element_text(hjust = 0, size = 8, color = "gray50")
  )
```

16.2.2 Guardar el gráfico en formato PNG

Una vez creado el gráfico, se puede guardar utilizando `ggsave()`:

```
# Guardar el gráfico en formato PNG
ggsave("grafico.png", width = 8, height = 6, dpi = 300)
```

1. `filename`: Nombre del archivo de salida (en este caso, `"grafico.png"`).
2. `plot`: Objeto del gráfico que se desea guardar.
3. `width` y `height`: Dimensiones del gráfico en pulgadas.
4. `dpi`: Resolución del archivo en puntos por pulgada (300 dpi es adecuado para impresión).

16.2.3 Guardar en Formato PDF

El formato PDF es ideal para gráficos que requieren escalado sin pérdida de calidad, como en publicaciones científicas o informes.

```
# Guardar el gráfico en formato PDF
ggsave("grafico.pdf", width = 8, height = 6)
```

Diferencias con PNG: No es necesario especificar la resolución (`dpi`), ya que el formato PDF es vectorial y no depende de la resolución.

16.3 Guardar Tablas en CSV y Excel

La exportación de tablas es esencial para compartir datos o realizar análisis adicionales en otras herramientas. A continuación, se detalla cómo guardar tablas en formatos CSV y Excel.

16.3.1 Crear un data frame de ejemplo

Se puede utilizar un data frame de ejemplo para ilustrar el proceso:

```
# Crear un data frame de ejemplo
ejemplo <- data.frame(
  Nombre = c("Ana", "Luis", "María"),
  Edad = c(25, 30, 22),
  Ciudad = c("Madrid", "Barcelona", "Valencia")
)
```

16.3.2 Guardar la tabla en formato CSV

Utilizando la función `write.csv()`, se puede exportar el data frame:

```
# Guardar la tabla en formato CSV
write.csv(ejemplo, "ejemplo.csv", row.names = FALSE)
```

Parámetros importantes:

`file`: Nombre del archivo de salida (en este caso, `"tabla.csv"`).

`row.names`: Si se establece en `FALSE`, no se incluirán los índices de las filas como una columna adicional.

16.3.3 Guardar en Formato Excel

Para exportar datos a Excel, se utiliza el paquete `writexl`, por lo que primero hay que instalar y cargar el paquete:

```
# Paquete para la exportación de datos a Excel
if (!require("writexl")) install.packages("writexl")
```

Despues de haber cargado el paquete utilizando la función `write_xlsx()`, se puede exportar el data frame:

```
# Guardar la tabla en formato Excel
write_xlsx(ejemplo, "ejemplo.xlsx")
```

Parámetros importantes:

1. `objeto:` Nombre del dataframe o lista que se quiere exportar en formato Excel.
2. `path`: Nombre del archivo de salida (en este caso, `"ejemplo.xlsx"`).

Resultado: El archivo `ejemplo.xlsx` se guardará en el directorio de trabajo actual, listo para ser abierto en Microsoft Excel o software similar.

16.4 Comparación de Formatos

Formato	Uso Principal	Ventajas	Desventajas
PNG	Presentaciones y documentos digitales	Alta calidad, ampliamente compatible	No escalable sin pérdida de calidad
PDF	Publicaciones científicas e informes	Escalable, ideal para impresión	Menos compatible con editores básicos
CSV	Análisis de datos en herramientas simples	Ligero, compatible con múltiples plataformas	No admite formatos complejos
Excel	Compartir datos estructurados	Compatible con herramientas avanzadas	Requiere software específico

17 Uso de Git y GitHub en Proyectos de R

17.1 Notas:

En esta sección se abordará una explicación sobre como clonar un repositorio de github en nuestro ordenador y como tener un control de versiones de nuestros proyectos usando github ademas de hablar de los pros y contras.

Parte VI

Material de apoyo y referencias

18 Material de apoyo

1. Tutorial en YouTube “Cómo instalar R y RStudio en menos de 2 minutos - 2024”. Elaborado por Herbert Lizama.
2. R para ciencia de datos por Handley Wickham & Garrett Grolemund
3. Regresión lineal usando R.

19 Referencias

Allaire, J. J., Xie, Y., & McPherson, J. (2022). R Markdown: The Definitive Guide. Chapman & Hall/CRC. https://www.taylorfrancis.com/books/mono/10.1201/9781138359444/markdown-yihui-xie-allaire-garrett-grolemund

Baker, M. (2016). 1,500 scientists lift the lid on reproducibility. Nature, 533(7604), 452–454. https://doi.org/10.1038/533452a

Belsley, D. A., Kuh, E., & Welsch, R. E. (1980). Regression Diagnostics: Identifying Influential Data and Sources of Collinearity. Wiley. (No hay enlace disponible)

Cohen, J., Cohen, P., West, S. G., & Aiken, L. S. (2003). Applied Multiple Regression/Correlation Analysis for the Behavioral Sciences (3rd ed.). Lawrence Erlbaum Associates. (No hay enlace disponible)

Draper, N. R., & Smith, H. (1998). Applied Regression Analysis (3rd ed.). Wiley. (No hay enlace disponible)

Field, A. (2013). Discovering Statistics Using IBM SPSS Statistics (4th ed.). SAGE Publications. (No hay enlace disponible)

Gentleman, R., & Temple Lang, D. (2007). Statistical analyses and reproducible research. Journal of Computational and Graphical Statistics, 16(1), 1–23. https://doi.org/10.1198/106186007X178663

Hernández, F., Usuga, O., & Mazo, M. (2024). *Modelos de Regresión con R.* [Fecha de publicación: 12 de agosto de 2024].

Hmelo-Silver, C. E., Duncan, R. G., & Chinn, C. A. (2007). Scaffolding and achievement in problem-based and inquiry learning: A response to Kirschner, Sweller, and Clark (2006). Educational Psychologist, 42(2), 99–107. https://doi.org/10.1080/00461520701263368

Ihaka, R., & Gentleman, R. (1996). R: A Language for Data Analysis and Graphics. Journal of Computational and Graphical Statistics, 5(3), 299–314. (No hay enlace disponible)

Kolb, D. A. (1984). Experiential learning: Experience as the source of learning and development. Prentice Hall. (No hay enlace disponible)

Kutner, M. H., Nachtsheim, C. J., Neter, J., & Li, W. (2005). Applied Linear Statistical Models (5th ed.). McGraw-Hill. (No hay enlace disponible)

López, E., & González, B. (2016). Diseño y análisis de experimentos. Internet Archive. https://archive.org/details/DiseoYAnlisisDeExperimentos2016

Montgomery, D. C., Peck, E. A., & Vining, G. G. (2012). Introduction to Linear Regression Analysis (5th ed.). Wiley. (No hay enlace disponible)

National Academies of Sciences, Engineering, and Medicine. (2019). Reproducibility and replicability in science. National Academies Press. https://doi.org/10.17226/25303

R Core Team. (2023). R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing. https://www.Rproject.org

Rosales Castillo, JM. 2005. Micropropagación de Calahuala Phlebodium psedoaureum (Cav.) Lellinger con tres tipos de explantes en diferentes medios de cultivo in vitro. Tesis Ing. Agr. Guatemala, Universidad de San Carlos de Guatemala, Facultad de Agronomía. 51 p.

Tabachnick, B. G., & Fidell, L. S. (2013). Using Multivariate Statistics (6th ed.). Pearson. (No hay enlace disponible)

The Turing Way Community. (2023). The Turing Way: A handbook for reproducible, ethical and collaborative research. https://the-turing-way.netlify.app

Wilkinson, M. D. et al. (2016). The FAIR Guiding Principles for scientific data management and stewardship. Scientific Data, 3(1), 160018. https://doi.org/10.1038/sdata.2016.18

Parte VII

Ejemplos de Análisis Estadístico con R

20 Estadística descriptiva usando funciones en R

La estadística descriptiva es una rama esencial de la estadística que se ocupa de resumir y describir las características principales de un conjunto de datos. Su propósito es proporcionar una visión clara y comprensible de los datos, permitiendo identificar patrones, tendencias y comportamientos generales sin realizar inferencias o predicciones. Este tipo de análisis es el primer paso en cualquier estudio estadístico, ya que organiza y presenta la información de manera que sea fácil de interpretar.

En R, la estadística descriptiva se puede realizar de manera eficiente gracias a una amplia variedad de herramientas y funciones predefinidas, así como paquetes especializados que amplían las capacidades del análisis. Estas herramientas permiten calcular medidas clave que se agrupan en tres categorías principales: medidas de tendencia central, medidas de dispersión y medidas de forma.

20.1 Medidas principales en estadística descriptiva

20.1.1 Medidas de tendencia central

Las medidas de tendencia central describen el valor típico o central de un conjunto de datos. Estas medidas son fundamentales para resumir los datos en un solo valor representativo.

Media aritmética: Es el promedio aritmético de los datos. Se calcula sumando todos los valores y dividiendo entre el número total de observaciones. Es sensible a valores extremos (outliers).

Fórmula:

$$\overline{x} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} x_i$$

Ejemplo en R:

```r
datos <- c(10, 20, 30, 40, 50)
media <- mean(datos)
print(media)  # Resultado:
```

```
[1] 30
```

Mediana: Es el valor que divide el conjunto de datos en dos partes iguales, de modo que el 50% de los valores son menores o iguales a la mediana y el otro 50% son mayores o iguales. Es menos sensible a valores extremos que la media.

Ejemplo en R:

```r
mediana <- median(datos)
print(mediana)  # Resultado:
```

```
[1] 30
```

Moda: Es el valor o los valores que ocurren con mayor frecuencia en un conjunto de datos. En R base, no existe una función predefinida para calcular la moda, pero se puede implementar fácilmente.

Ejemplo de función para calcular la moda:

```r
moda_ej <- function(x) {
  tabla <- table(x)
  moda <- names(tabla[tabla == max(tabla)])
  return(moda)
}
datos_moda <- c(10, 20, 20, 30, 40)
print(moda_ej(datos_moda))  # Resultado:
```

```
[1] "20"
```

20.1.2 Medidas de dispersión

Las medidas de dispersión describen la variabilidad o el grado de dispersión de los datos en torno a la media. Estas medidas son esenciales para entender la distribución de los datos.

Varianza: Mide la dispersión de los datos respecto a la media. Es el promedio de las diferencias al cuadrado entre cada valor y la media. Una varianza alta indica que los datos están muy dispersos.

Fórmula de la varianza muestral:

$$s^2 = \frac{1}{n-1}\sum_{i=1}^{n}\left(x_i - \overline{x}\right)^2$$

```
varianza <- var(datos)
print(varianza)  # Resultado:
```

```
[1] 250
```

Desviación estándar: Es la raíz cuadrada de la varianza. Proporciona una medida de dispersión en las mismas unidades que los datos originales.

Fórmula:

$$\text{Desviación estándar} = \sqrt{\text{Varianza}}$$

Ejemplo en R:

```
desviacion <- sd(datos)
print(desviacion)  # Resultado:
```

```
[1] 15.81139
```

Rango: Es la diferencia entre el valor máximo y el valor mínimo de los datos. Es una medida simple pero útil para entender la amplitud de los datos.

Ejemplo en R:

```
rango <- max(datos)-min(datos)
print(rango)  # Resultado:
```

```
[1] 40
```

Rango intercuartílico (IQR): Es la diferencia entre el tercer cuartil (Q3) y el primer cuartil (Q1). Representa la dispersión de la mitad central de los datos y es menos sensible a valores extremos.

Fórmula:

$$\text{IQR} = Q3 - Q1$$

Ejemplo en R:

```
iqr <- IQR(datos)
print(iqr)  # Resultado:
```

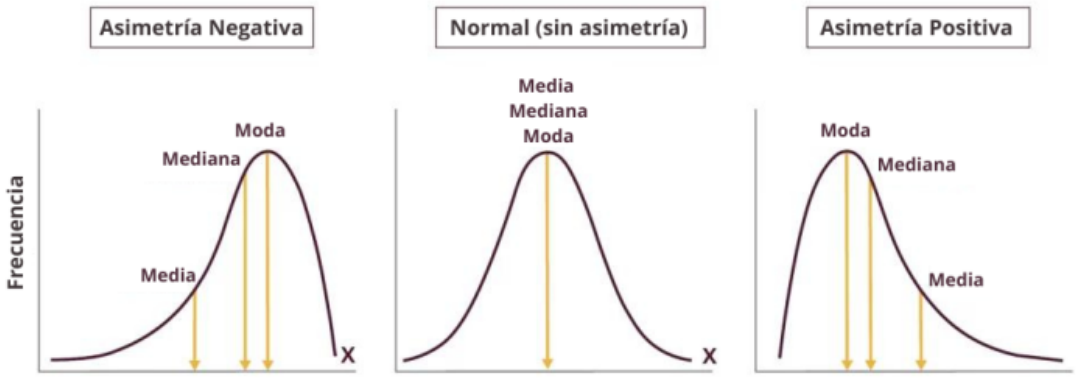
```
[1] 20
```

20.1.3 Medidas de forma

Las medidas de forma describen la distribución de los datos en términos de su simetría y concentración en torno a la media.

Asimetría (skewness): Mide el grado de simetría de la distribución de los datos. Una asimetría positiva indica que la cola derecha es más larga, mientras que una asimetría negativa indica que la cola izquierda es más larga.

Guía gráfica para interpretar asimetría:



Fórmula:

$$\text{Asimetría} = \frac{\sum_{i=1}^{n}(x_i - \bar{x})^3}{n \cdot s^3}$$

Ejemplo en R (usando el paquete `psych`):

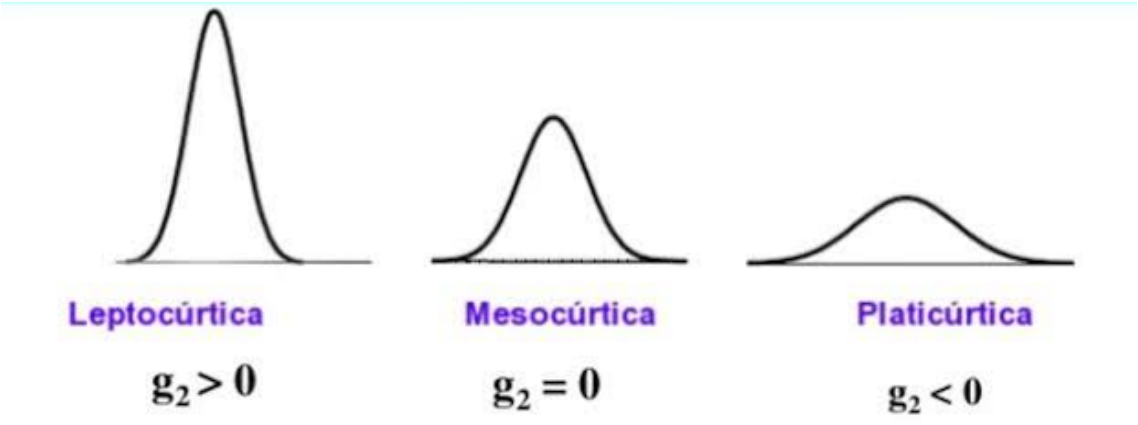
```r
# Instalación y carga del paquete psych
if (!require("psych")) install.packages("psych")

# Análisis de asimetria
datos <- c(10, 20, 30, 40, 50)
asimetria <- skew(datos)
print(asimetria)  # Resultado: 0 (distribución simétrica)
```

```
[1] 0
```

Curtosis (kurtosis): Mide la concentración de los datos en torno a la media. Una curtosis alta indica una distribución con colas más pesadas (leptocúrtica), mientras que una curtosis baja indica colas más ligeras (platicúrtica).

Guía gráfica para interpretar curtosis:



Fórmula:

$$\text{Curtosis} = \frac{\sum_{i=1}^{n}(x_i - \bar{x})^4}{n \cdot s^4} - 3$$

Ejemplo en R (usando el paquete `psych`):

```r
curtosis <- kurtosi(datos)
print(curtosis)  # Resultado: -1.912 (distribución platicúrtica)
```

```
[1] -1.912
```

20.2 Base de datos para los ejemplos

En 2002, se llevó a cabo un estudio en la Universidad de San Carlos de Guatemala, en el que se recopilaron datos de 460 estudiantes de diversas facultades, generando una base de datos que incluye una amplia variedad de variables como: *FACULTAD, EDAD, SEXO, EST_CIVIL, PESO_lbs, TALLA, entre otras*. Esta base de datos, disponible para su descarga en formato CSV, se utilizará a lo largo de esta sección del manual para ilustrar diferentes métodos de análisis descriptivo de datos, adaptando las herramientas y conceptos desarrollados a las características de las variables incluidas. Para seguir los ejemplos prácticos, se recomienda que el usuario descargue el archivo y lo guarde en la carpeta correspondiente al proyecto en curso.

20.2.1 Preparación del área de trabajo

Antes de comenzar con el análisis, es necesario preparar el entorno de trabajo instalando y cargando los paquetes necesarios, estableciendo el directorio de trabajo y revisando la estructura de los datos.

```
# Instalación y carga de paquetes
 # Incluye ggplot2, dplyr, tidyr
if (!require("tidyverse")) install.packages("tidyverse")

 # Exportación a Excel
if (!require("writexl")) install.packages("writexl")

 # Realiza analisis de estaística descriptiva completos
if (!require("psych")) install.packages("psych")

 # Se utiliza para establecer el directorio de trabajo
if (!require("rstudioapi")) install.packages("rstudioapi")
```

20.2.2 Establecer directorio de trabajo

Es importante asegurarse de que el archivo de datos esté en el directorio de trabajo correcto. Esto se puede hacer con el siguiente código una vez ya se ha guardado el script:

```
# Establecer y verificar directorio de trabajo
setwd(dirname(rstudioapi::getActiveDocumentContext()$path))
getwd()
```

20.2.3 Importar la base de datos

Una vez establecido el directorio de trabajo, se puede importar la base de datos en formato CSV:

```r
# Importar la base de datos
estudiantes<- read_csv("datos_estudiantes.csv")
```

20.2.4 Revisar de la estructura de los datos

Es fundamental revisar la estructura de los datos para entender el tipo de variables y su formato:

```r
# Revisar la estructura de los datos
sapply(estudiantes, class)

# Convertir todos los nombres de las columnas a minúsculas
names(estudiantes)<- tolower(names(estudiantes))

# Tener todas las variables en minúsculas facilita su manipulación

# Revisar los valores de las variables categoricas
categoricas<-list(facultad = c(unique(estudiantes$facultad)),
           sexo = c(unique(estudiantes$sexo)),
           est_civil = c(unique(estudiantes$est_civil)),
           trabaja = c(unique(estudiantes$trabaja)),
           jornada = c(unique(estudiantes$jornada)),
           fuma = c(unique(estudiantes$fuma)),
           alcohol = c(unique(estudiantes$alcohol)))
```

20.2.5 Limpieza de la base de datos

Antes de realizar el análisis, es necesario limpiar los datos para corregir valores inconsistentes y asegurarse de que las variables estén en el formato adecuado:

```r
# Corregir los valores incorrectos de la variable "fuma"
estudiantes$fuma <- ifelse(tolower(estudiantes$fuma) == "sí",
                           1, estudiantes$fuma)
unique(estudiantes$fuma)
```

```
[1] "2" "1"
```

```r
# Establecer como varibales tipo factor a las variables categoricas
estudiantes <- estudiantes %>%
  mutate(across(
    c(facultad, sexo, est_civil, trabaja, jornada, fuma, alcohol),
    as.factor))
```

20.3 Funciones por defecto en R para estadística descriptiva

R base proporciona varias funciones útiles para realizar análisis descriptivos básicos. A continuación, se presentan ejemplos utilizando la base de datos de estudiantes.

20.3.1 Medidas de tendencia central

Las medidas de tendencia central describen el valor típico o central de un conjunto de datos.

Media: Promedio de los valores.

Mediana: Valor que divide los datos en dos partes iguales.

Moda: Valor más frecuente (no existe una función por defecto en R para calcular la moda).

```
# Calcular medidas de tendencia central para la variable "edad"
media_edad <- mean(estudiantes$edad, na.rm = TRUE)
mediana_edad <- median(estudiantes$edad, na.rm = TRUE)

# Resultados
print(paste("Media:", media_edad))
```

```
[1] "Media: 24.0195652173913"
```

```
print(paste("Mediana:", mediana_edad))
```

```
[1] "Mediana: 22"
```

20.3.2 Medidas de dispersión

Las medidas de dispersión describen la variabilidad de los datos.

Varianza: Dispersión respecto a la media.

Desviación estándar: Raíz cuadrada de la varianza.

Rango: Diferencia entre el valor máximo y mínimo.

Rango intercuartílico (IQR): Diferencia entre el tercer y primer cuartil.

```
# Calcular medidas de dispersión para la variable "peso_lbs"
varianza_peso <- var(estudiantes$peso_lbs, na.rm = TRUE)
desviacion_peso <- sd(estudiantes$peso_lbs, na.rm = TRUE)
rango_peso <- max(estudiantes$peso_lbs)-min(estudiantes$peso_lbs)
iqr_peso <- IQR(estudiantes$peso_lbs, na.rm = TRUE)

# Resultados
print(paste("Varianza:", varianza_peso))
```

```
[1] "Varianza: 872.415330870512"
```

```
print(paste("Desviación estándar:", desviacion_peso))
```

```
[1] "Desviación estándar: 29.5366777222915"
```

```
print(paste("Rango:", paste(rango_peso)))
```

```
[1] "Rango: 170"
```

```
print(paste("IQR:", iqr_peso))
```

```
[1] "IQR: 40"
```

20.3.3 Medidas de forma

Las medidas de forma describen la distribución de los datos en términos de simetría y concentración.

Asimetría: Grado de simetría de la distribución.

Curtosis: Concentración de los datos en torno a la media.

La asimetría y curtosis no se pueden calcular con la funciones base de R para ello se debe emplear el paquete `psych`, con este las medidas de forma se calculan fácilmente:

```
# Calcular asimetría y curtosis para la variable "talla"
asimetria_talla <- skew(estudiantes$talla, na.rm = TRUE)
curtosis_talla <- kurtosi(estudiantes$talla, na.rm = TRUE)

# Resultados
print(paste("Asimetría:", asimetria_talla))
```

```
[1] "Asimetría: 0.0362232638780007"
```

```
print(paste("Curtosis:", curtosis_talla))
```

```
[1] "Curtosis: -0.177190677008652"
```

20.3.4 Resumen general con `summary()`

La función `summary()` proporciona un resumen estadístico básico para variables numéricas y categóricas:

```r
# Resumen general de la variable talla
resumen_general <- summary(estudiantes$talla)
print(resumen_general)
```

```
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  1.280   1.570   1.630   1.639   1.700   1.900
```

20.4 Paquetes especializados para estadística descriptiva (el paquete `psych`)

El paquete `psych` es una herramienta poderosa y versátil para realizar análisis estadísticos descriptivos avanzados en R. Este paquete es especialmente útil cuando se trabaja con variables categóricas y numéricas simultáneamente, ya que permite calcular estadísticas detalladas, realizar análisis por grupos y obtener medidas de forma como asimetría y curtosis. Además, incluye opciones para calcular errores estándar e intervalos de confianza, lo que lo convierte en una excelente opción para análisis más completos.

20.4.1 Instalación y carga del paquete

```r
# Instalación y carga del paquete
if (!require("psych")) install.packages("psych")
```

20.4.2 Análisis descriptivo general

A continuación, se utilizará la base de datos de estudiantes para realizar un análisis descriptivo detallado. Este análisis incluirá medidas de tendencia central, dispersión y forma.

La función `describe()` del paquete `psych` permite calcular estadísticas descriptivas detalladas para variables numéricas. Estas estadísticas incluyen: Media, Desviación estándar, Mediana, Rango, Asimetría, Curtosis, Errores estándar.

```r
# Análisis descriptivo general para variables numéricas
resultado_general <- describe(estudiantes[, c("edad", "peso_lbs", "talla")])

# Mostrar resultados
print(resultado_general)
```

```
         vars   n   mean    sd median trimmed   mad   min   max  range skew
edad        1 460  24.02  5.74  22.00   22.99  2.97 17.00  55.0  38.00 1.94
peso_lbs    2 460 139.44 29.54 134.00  137.46 29.65 79.00 249.0 170.00 0.68
talla       3 460   1.64  0.09   1.63    1.64  0.10  1.28   1.9   0.62 0.04
         kurtosis   se
edad         4.39 0.27
```

```
peso_lbs     0.42 1.38
talla       -0.18 0.00
```

Salida esperada: El resultado incluye un resumen detallado de cada variable numérica, con estadísticas como la media, desviación estándar, asimetría y curtosis.

20.4.3 Análisis descriptivo categorizado

La función `describeBy()` permite realizar un análisis descriptivo agrupado por una o más variables categóricas. Esto es útil para comparar estadísticas entre diferentes grupos.

```r
# Análisis descriptivo agrupado por sexo y trabaja
resultado_agrupado <- describeBy(
  estudiantes[, c("edad", "peso_lbs", "talla")],
  group = list(estudiantes$sexo, estudiantes$trabaja)
)

# Mostrar resultados
print(resultado_agrupado)
```

```
 Descriptive statistics by group
: F
: 1
         vars  n   mean    sd median trimmed   mad   min    max  range  skew
edad        1 76  26.04  5.69  25.00   25.37  5.93 18.00  42.00  24.00  0.91
peso_lbs    2 76 126.67 25.32 122.50  124.05 20.76 79.00 199.00 120.00  0.97
talla       3 76   1.57  0.08   1.57    1.57  0.07  1.28   1.75   0.47 -0.42
         kurtosis   se
edad         0.14 0.65
peso_lbs     0.86 2.90
talla        1.73 0.01
------------------------------------------------------------
: M
: 1
         vars   n   mean    sd median trimmed   mad    min    max  range  skew
edad        1 105  27.58  7.49   25.0   26.59  5.93  18.00  55.00  37.00  1.26
peso_lbs    2 105 156.31 26.94  152.0  154.75 25.20 102.00 238.00 136.00  0.61
talla       3 105   1.70  0.07    1.7    1.70  0.07   1.49   1.85   0.36 -0.09
         kurtosis   se
edad         1.34 0.73
peso_lbs     0.41 2.63
talla       -0.15 0.01
------------------------------------------------------------
: F
: 2
         vars   n   mean    sd median trimmed   mad  min    max  range skew
```

```
edad        1 154  22.57  4.51  21.00   21.77  2.97 17.0  44.00  27.00 2.53
peso_lbs    2 154 125.66 24.56 120.00  123.27 17.79 84.0 227.00 143.00 1.07
talla       3 154   1.59  0.07   1.58    1.58  0.06  1.4   1.78   0.38 0.44
         kurtosis   se
edad         7.79 0.36
peso_lbs     1.37 1.98
talla       -0.07 0.01
------------------------------------------------------------
: M
: 2
         vars   n   mean    sd median trimmed   mad   min   max  range skew
edad        1 125  21.58  2.87   21.0   21.24  1.48 17.00  34.0  17.00 1.66
peso_lbs    2 125 149.99 28.27  147.0  148.49 26.69 88.00 249.0 161.00 0.64
talla       3 125   1.69  0.08    1.7    1.69  0.07  1.52   1.9   0.38 0.10
         kurtosis   se
edad         4.34 0.26
peso_lbs     0.92 2.53
talla       -0.05 0.01
```

Nota importante: Cuando se utiliza `describeBy()`, el paquete `psych` genera una tabla separada para cada combinación de las variables categóricas. Esto puede ser útil para análisis simples, pero puede volverse limitante en casos donde se necesite consolidar los resultados en un solo dataframe o realizar análisis más complejos.

20.4.4 Exportación de resultados

Los resultados del análisis descriptivo pueden exportarse fácilmente a un archivo Excel para su revisión o presentación:

```
# Exportar resultados agrupados a Excel
write_xlsx(resultado_agrupado, "analisis_descriptivo_psych.xlsx")
```

20.4.5 Ventajas del paquete `psych`

El paquete `psych` ofrece varias ventajas para el análisis descriptivo:

1. **Estadísticas más detalladas**: Incluye medidas avanzadas como asimetría, curtosis, errores estándar e intervalos de confianza.
2. **Análisis por grupos**: Permite calcular estadísticas descriptivas para diferentes combinaciones de variables categóricas.
3. **Flexibilidad**: Facilita la categorización de variables numéricas en rangos personalizados.
4. **Exportación de resultados**: Los resultados pueden exportarse fácilmente a formatos como Excel para su análisis posterior.

20.4.6 Limitaciones del paquete `psych`

Aunque el paquete `psych` es muy útil, presenta algunas limitaciones:

1. **Resultados separados por combinación de categorías**: La función `describeBy()` genera una tabla separada para cada combinación de las variables categóricas, lo que puede dificultar la consolidación de los resultados en un solo archivo o dataframe.
2. **Falta de personalización**: No permite agregar estadísticas personalizadas, como percentiles específicos o medidas adicionales que no estén incluidas en las funciones predefinidas.
3. **Manejo de valores faltantes**: Aunque maneja valores faltantes de manera básica, no ofrece opciones avanzadas para imputación o análisis detallado de datos incompletos.
4. **Exportación limitada**: Los resultados no están listos para exportarse directamente en un formato tabular consolidado, lo que requiere pasos adicionales para su preparación.

20.5 Función personalizada para análisis descriptivo completo

Para superar las limitaciones del paquete `psych`, se puede utilizar una función personalizada que ofrezca mayor flexibilidad y personalización. A continuación, se presenta una solución que incluye funciones auxiliares para calcular medidas avanzadas como la moda, asimetría y curtosis.

20.5.1 Establecer funciones auxiliares

20.5.1.1 Moda

```
# Función de la moda
moda <- function(x) {
  # Eliminar valores NA
  x <- na.omit(x)

  # Verificar si el vector está vacío
  if (length(x) == 0) return(NA_character_)

  # Calcular la frecuencia de cada valor
  tabla <- table(x)

  # Identificar el/los valores con mayor frecuencia
  max_frecuencia <- max(tabla)
  modas <- names(tabla[tabla == max_frecuencia])
```

```
  # Verificar si todos los valores son únicos (sin moda)
  if (max_frecuencia == 1) return(NA_character_)

  # Retornar la moda como un string separado por comas
  return(paste(modas, collapse = ", "))
}
```

20.5.1.2 Asimetría

```
# Función Asimentría
calcular_asimetria <- function(x) {
  # Eliminar valores NA
  x <- na.omit(x)

  # Verificar que haya suficientes datos
  if (length(x) < 3) return(NA_real_)

  # Calcular media y desviación estándar
  m <- mean(x)
  s <- sd(x)

  # Manejar el caso de desviación estándar cero
  if (s == 0) return(0)

  # Calcular asimetría
  asimetria <- sum((x - m)^3) / (length(x) * s^3)
  return(asimetria)
}
```

20.5.1.3 Curtosis

```
# Función Curtosis
calcular_curtosis <- function(x) {
  # Eliminar valores NA
  x <- na.omit(x)

  # Verificar que haya suficientes datos
  if (length(x) < 4) return(NA_real_)

  # Calcular media y desviación estándar
  m <- mean(x)
  s <- sd(x)

  # Manejar el caso de desviación estándar cero
```

```
  if (s == 0) return(0)

  # Calcular curtosis
  curtosis <- sum((x - m)^4) / (length(x) * s^4) - 3
  return(curtosis)
}
```

20.5.2 Función principal: análisis por categorías

La función principal realiza el análisis descriptivo agrupando los datos según las variables categóricas especificadas. Calcula estadísticas clave como la media, mediana, moda, desviación estándar, varianza, rango, cuartiles, asimetría y curtosis.

```
# Función Análisis por Categoría
analisis_por_categoria <- function(datos,
                                   columna_numerica,
                                   columnas_categoricas) {
  datos %>%
    group_by(across(all_of(columnas_categoricas))) %>%
    summarise(
      Variable = columna_numerica,
      N_validos = sum(!is.na(.data[[columna_numerica]])),
      N_missing = sum(is.na(.data[[columna_numerica]])),
      Media = mean(.data[[columna_numerica]], na.rm = TRUE),
      Mediana = median(.data[[columna_numerica]], na.rm = TRUE),
      Moda = moda(.data[[columna_numerica]]),
      Desviacion_estandar = sd(.data[[columna_numerica]], na.rm = TRUE),
      Varianza = var(.data[[columna_numerica]], na.rm = TRUE),
      Rango_min = min(.data[[columna_numerica]], na.rm = TRUE),
      Rango_max = max(.data[[columna_numerica]], na.rm = TRUE),
      Rango = Rango_max - Rango_min,
      IQR = IQR(.data[[columna_numerica]], na.rm = TRUE),
      Q1 = quantile(.data[[columna_numerica]], probs = 0.25, na.rm = TRUE),
      Q2 = quantile(.data[[columna_numerica]], probs = 0.50, na.rm = TRUE),
      Q3 = quantile(.data[[columna_numerica]], probs = 0.75, na.rm = TRUE),
      Asimetria = calcular_asimetria(.data[[columna_numerica]]),
      Curtosis = calcular_curtosis(.data[[columna_numerica]]),
      .groups = 'drop'
    )
}
```

20.5.3 Función para análisis de múltiples variables numéricas

Para analizar varias columnas numéricas simultáneamente, se puede usar la siguiente función, que aplica `analisis_por_categoria` a cada columna numérica especificada:

```r
# Función para anlisar multiples variables numericas simultaneamente
analisis_multiple <- function(datos,
                              columnas_numericas,
                              columnas_categoricas) {
  resultados <- list()
  for (col in columnas_numericas) {
    resultados[[col]] <- analisis_por_categoria(
      datos = datos,
      columna_numerica = col,
      columnas_categoricas = columnas_categoricas
    )
  }
  bind_rows(resultados)  # Combina todos los resultados en un dataframe
}
```

20.5.4 Ejemplo de uso

Para ilustrar el uso de la función personalizada, se realizará un análisis descriptivo completo utilizando la base de datos de estudiantes de la Universidad de San Carlos de Guatemala. Este ejemplo mostrará cómo analizar múltiples variables numéricas categorizadas por diferentes variables cualitativas.

20.5.4.1 Preparación del análisis

Antes de ejecutar el análisis, es necesario definir las columnas numéricas y categóricas que se incluirán en el estudio. Las columnas numéricas representan las variables cuantitativas que se analizarán, mientras que las columnas categóricas se utilizarán para agrupar los datos.

```r
# Definir las columnas numéricas y categóricas
# Variables cuantitativas
columnas_numericas <- c("talla", "peso_lbs", "edad")

# Variables cualitativas
columnas_categoricas <- c("sexo", "trabaja")
```

A continuación, se ejecuta la función `analisis_multiple`, que aplica el análisis descriptivo a cada variable numérica, agrupando los resultados según las categorías especificadas.

```r
# Ejecutar el análisis descriptivo completo
resultados_finales <- analisis_multiple(
  datos = estudiantes,
  columnas_numericas = columnas_numericas,
  columnas_categoricas = columnas_categoricas
)
```

20.5.4.2 Visualización de resultados

Los resultados del análisis se almacenan en un objeto llamado `resultados_finales`, que contiene un resumen estadístico detallado para cada combinación de las variables categóricas. Este resumen incluye medidas como la media, mediana, moda, desviación estándar, varianza, rango, asimetría y curtosis, entre otras.

Para visualizar los resultados directamente en la consola, se utiliza la función `print()`. El resultado es una tabla organizada que muestra las estadísticas descriptivas para cada combinación de las categorías `sexo` y `trabaja`.

```
# Mostrar resultados
print(resultados_finales)
```

```
# A tibble: 12 x 19
   sexo  trabaja Variable N_validos N_missing  Media Mediana Moda
   <fct> <fct>   <chr>        <int>     <int>  <dbl>   <dbl> <chr>
 1 F     1       talla           76         0   1.57    1.57 1.57
 2 F     2       talla          154         0   1.59    1.58 1.6
 3 M     1       talla          105         0   1.70    1.7  1.7
 4 M     2       talla          125         0   1.69    1.7  1.7
 5 F     1       peso_lbs        76         0 127.    122.   130
 6 F     2       peso_lbs       154         0 126.    120    114
 7 M     1       peso_lbs       105         0 156.    152    150
 8 M     2       peso_lbs       125         0 150.    147    150
 9 F     1       edad            76         0  26.0    25    21
10 F     2       edad           154         0  22.6    21    21
11 M     1       edad           105         0  27.6    25    22
12 M     2       edad           125         0  21.6    21    21
# i 11 more variables: Desviacion_estandar <dbl>, Varianza <dbl>,
#   Rango_min <dbl>, Rango_max <dbl>, Rango <dbl>, IQR <dbl>, Q1 <dbl>,
#   Q2 <dbl>, Q3 <dbl>, Asimetria <dbl>, Curtosis <dbl>
```

Además de visualizar los resultados en la consola, es posible exportarlos a un archivo Excel para facilitar su revisión o presentación:

```
# Exportar resultados a Excel para mejor visualización
write_xlsx(resultados_finales, "analisis_descriptivo_estudiantes.xlsx")
```

Este ejemplo demuestra cómo utilizar la función personalizada para realizar un análisis descriptivo completo y categorizado. La tabla resultante proporciona una visión detallada de las características de las variables numéricas, agrupadas por categorías cualitativas. Además, la posibilidad de exportar los resultados a Excel permite compartir y analizar los datos de manera más eficiente.

20.6 Resumen Comparativo: Funciones Base de R, Paquete `psych` y Función Personalizada

A continuación, se presenta una comparación entre el paquete `psych` y la función personalizada para realizar análisis descriptivos, destacando las fortalezas y limitaciones de cada enfoque. Esta comparación permite identificar cuál es la mejor opción según las necesidades específicas del análisis.

Característica	**Funciones Base de R**	**Paquete `psych`**	**Función Personalizada**
Estadísticas avanzadas	Calcula medidas básicas como media, mediana, desviación estándar, varianza y rango.	Incluye medidas como asimetría y curtosis.	Incluye asimetría, curtosis, moda y más estadísticas avanzadas.
Análisis por grupos	Requiere pasos adicionales para agrupar y calcular estadísticas por categorías.	Genera tablas separadas para cada combinación de categorías, lo que puede dificultar la consolidación.	Consolida todos los resultados en un único dataframe, facilitando su manejo y análisis.
Flexibilidad	Limitada a las funciones predefinidas, sin opciones para personalización avanzada.	Limitada a las funciones predefinidas del paquete.	Totalmente personalizable, permitiendo agregar o modificar estadísticas según las necesidades.
Exportación	Requiere pasos adicionales para preparar los resultados antes de exportarlos.	Requiere pasos adicionales para preparar los resultados antes de exportarlos.	Los resultados están listos para exportarse directamente en un formato tabular.
Facilidad de uso	Muy fácil de usar para cálculos básicos, pero limitada en análisis avanzados.	Fácil de usar para análisis avanzados estándar.	Requiere más configuración inicial, pero ofrece mayor control y personalización.
Manejo de valores faltantes	Manejo básico con argumentos como `na.rm = TRUE`.	Manejo básico de valores faltantes.	Permite un manejo avanzado y personalizado de valores faltantes.

Las **funciones base de R** son ideales para cálculos rápidos y sencillos, como la media (`mean()`), mediana (`median()`), desviación estándar (`sd()`), varianza (`var()`), rango (`range()`), y el resumen general (`summary()`). Estas funciones son fáciles de usar y están disponibles de forma predeterminada, lo que las convierte en una excelente opción para análisis básicos. Sin embargo, su alcance es limitado cuando se requiere un análisis más

detallado o agrupado, ya que no incluyen medidas avanzadas como asimetría o curtosis, ni permiten un análisis categorizado sin pasos adicionales.

El **paquete `psych`** es una herramienta poderosa y fácil de usar para realizar análisis descriptivos avanzados, especialmente cuando se busca rapidez y simplicidad en el cálculo de estadísticas estándar. Ofrece medidas avanzadas como asimetría y curtosis, y permite realizar análisis agrupados con la función `describeBy()`. Sin embargo, su enfoque en generar tablas separadas para cada combinación de categorías puede ser una limitación en proyectos que requieren consolidar resultados o realizar análisis más complejos. Además, la personalización de las estadísticas calculadas es limitada, ya que depende de las funciones predefinidas del paquete.

Por otro lado, la **función personalizada** destaca por su flexibilidad y capacidad de adaptación. Permite incluir estadísticas adicionales, como la moda, y consolidar resultados en un único dataframe, lo que facilita su manejo y exportación en un formato listo para su uso. Además, ofrece un control total sobre el análisis, permitiendo adaptarlo a necesidades específicas, como el manejo avanzado de valores faltantes o la categorización de variables numéricas. Esto la convierte en una opción ideal para proyectos que demandan un mayor nivel de personalización y control.

21 Regresión lineal simple usando R

La regresión lineal simple es una técnica estadística utilizada para modelar la relación entre una variable dependiente y una variable independiente. Su propósito principal es predecir el valor de la variable dependiente a partir de la variable independiente, lo que permite entender cómo varía una en función de la otra. Esta técnica es fundamental en el análisis estadístico, ya que proporciona una base para la inferencia y la toma de decisiones en diversos campos (Montgomery, Peck, & Vining, 2012).

Por ejemplo, en economía, la regresión lineal simple puede utilizarse para predecir el consumo en función del ingreso. En biología, se aplica para analizar la relación entre la dosis de un fármaco y la respuesta de un organismo. En ciencias sociales, se utiliza para estudiar cómo factores como la educación influyen en los ingresos de una población (Field, 2013).

21.1 Conceptos fundamentales

Las **variables dependientes** son aquellas que se desean predecir o explicar, mientras que las **variables independientes** son las que se utilizan para realizar dicha predicción. La diferencia radica en que la variable dependiente es el resultado que se estudia, mientras que la variable independiente es el factor que se manipula o se observa (Cohen, Cohen, West, & Aiken, 2003).

La **relación lineal** implica que existe una conexión directa entre las variables, de tal manera que un cambio en la variable independiente produce un cambio proporcional en la variable dependiente.

21.2 Modelo de Regresión Lineal Simple

El modelo de regresión lineal simple se expresa mediante la siguiente ecuación:

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X + \varepsilon$$

En esta ecuación, $\boldsymbol{Y}$ representa la variable dependiente, $\boldsymbol{X}$ es la variable independiente, $\boldsymbol{\beta 0}$ es la intersección (el valor de $\boldsymbol{Y}$) cuando $\boldsymbol{X}$) es cero) y $\boldsymbol{\beta 1}$ es la pendiente (que indica el cambio en $\boldsymbol{Y}$) por cada unidad de cambio en $\boldsymbol{X}$. El término epilson ( ) representa el error del modelo, que captura la variabilidad en $\boldsymbol{Y}$ que no se explica por $\boldsymbol{X}$ (Kutner, Nachtsheim, Neter, & Li, 2005).

21.3 Supuestos de la Regresión Lineal

Para que el modelo de regresión lineal sea válido, es fundamental que se cumplan ciertos supuestos:

1. **Linealidad**: La relación entre las variables debe ser lineal.
2. **Independencia**: Las observaciones deben ser independientes entre sí.
3. **Homoscedasticidad**: La varianza de los errores debe ser constante a lo largo de todos los niveles de $\boldsymbol{X}$.
4. **Normalidad**: Los errores deben seguir una distribución normal (Tabachnick & Fidell, 2013).

21.4 Evaluación del Modelo

La calidad del modelo de regresión lineal simple se evalúa a través de varias métricas:

1. **R-cuadrado**: Indica la proporción de la variabilidad en la variable dependiente que es explicada por la variable independiente. Un valor cercano a 1 sugiere un buen ajuste del modelo.
2. **Análisis de residuos**: Es crucial analizar los residuos para verificar los supuestos del modelo, asegurando que no haya patrones sistemáticos que indiquen un mal ajuste (Belsley, Kuh, & Welsch, 1980).

21.5 Ejemplo Práctico

Este ejemplo práctico ilustra cómo realizar un análisis de regresión lineal simple utilizando un conjunto de datos sobre esporofitos. Los datos provienen de un estudio realizado en el laboratorio de cultivo de tejidos de la Facultad de Agronomía de la Universidad de San Carlos de Guatemala. En este estudio, se llevó a cabo la reproducción del helecho conocido como calahuala (*Phlebodium pseudoaureum* (Cav.) Lellinger).

Se midió la altura de cada esporofito y se cuantificó la cantidad de esporofitos germinados en 30 frascos que contenían medio de cultivo Murashige y Skoog. Los resultados obtenidos se presentan en el siguiente archivo. Este análisis se basa en la investigación de Rosales Castillo (2005), quien realizó una micropropagación de *Calahuala* utilizando tres tipos de explantes en diferentes medios de cultivo in vitro.

El objetivo de este análisis es evaluar la relación entre la altura de los esporofitos y la cantidad de esporofitos germinados, utilizando la regresión lineal simple como herramienta estadística. A través de este proceso, se busca no solo ajustar un modelo que explique esta relación, sino también verificar los supuestos que sustentan la validez del modelo.

21.5.1 Instalación y Carga de Paquetes

Para comenzar, es necesario instalar y cargar los paquetes requeridos. Estos paquetes proporcionan funciones útiles para la manipulación de datos y la visualización.

```
# Instalación y carga de paquetes
# Incluye ggplot2, dplyr, tidyr
if (!require("tidyverse")) install.packages("tidyverse")

# Se utiliza para evaluar el supuesto de homocedasticidad
if (!require("car")) install.packages("car")

# Se utiliza para importar archivos de Excel
if (!require("readxl")) install.packages("readxl")
```

Explicación:

1. **`tidyverse`**: Este paquete incluye varias herramientas para la manipulación y visualización de datos, como `ggplot2`, `dplyr` y `tidyr`.
2. **`car`**: Proporciona funciones para realizar pruebas de hipótesis y diagnósticos de modelos, incluyendo la evaluación de homocedasticidad.
3. **`readxl`**: Permite importar datos desde archivos de Excel, facilitando la carga de conjuntos de datos.

21.5.2 Importación de Datos

A continuación, se importan los datos desde un archivo Excel.

```
# Importar un archivo csv
datos <- read_excel("esporofitos.xlsx")

# Visualizar los primeros registros del data frame
head(datos)
```

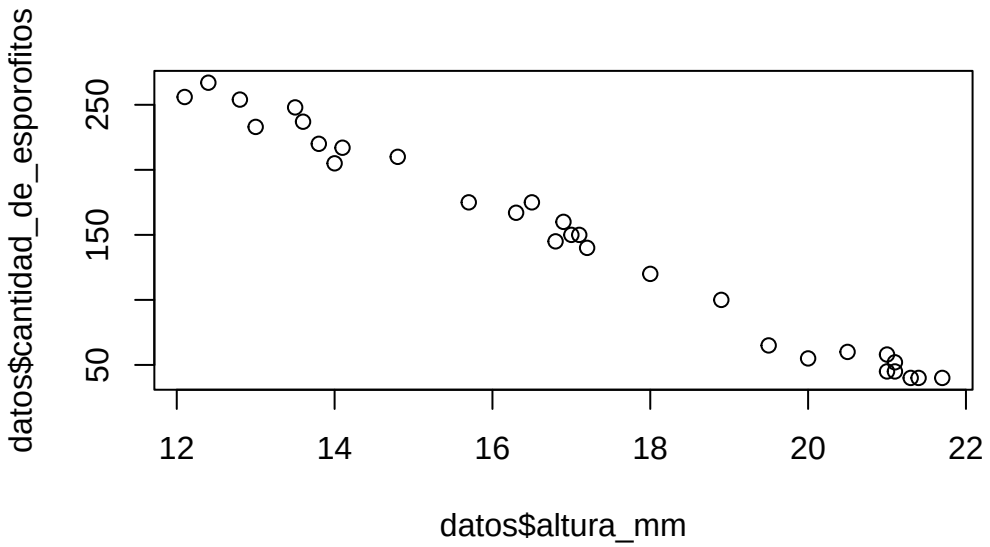
```
# A tibble: 6 x 3
  frasco cantidad_de_esporofitos altura_mm
   <dbl>                   <dbl>     <dbl>
1      1                      40      21.4
2      2                      45      21
3      3                      60      20.5
4      4                      55      20
5      5                      58      21
6      6                      40      21.7
```

Este código carga el archivo de Excel que contiene los datos sobre esporofitos y muestra las primeras filas del conjunto de datos para verificar que se haya importado correctamente.

21.5.3 Visualización de Datos

Se elabora un gráfico de dispersión para observar la relación entre las variables.

```
# Elaboración de un gráfico de dispersión entre altura y cantidad
plot( datos$altura_mm, datos$cantidad_de_esporofitos)
```



Este gráfico permite visualizar la relación entre la cantidad de esporofitos y la altura en milímetros, facilitando la identificación de patrones. Como se puede apreciar en el gráfico anterior hay una relación inversamente proporcional entre la altura de los esporofitos y la cantidad de esporofitos.

21.5.4 Ajuste del Modelo de Regresión

Se ajusta el modelo de regresión lineal simple utilizando la función `lm()`.

```
# Ajuste del modelo
regsimple <- lm(datos$altura_mm ~ datos $cantidad_de_esporofitos)
summary(regsimple)
```

```
Call:
lm(formula = datos$altura_mm ~ datos$cantidad_de_esporofitos)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.78523 -0.15056  0.01664  0.22403  0.62850
```

```
Coefficients:
                                Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)                   22.8933399  0.1446248  158.29   <2e-16 ***
datos$cantidad_de_esporofitos -0.0401248  0.0008826  -45.46   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.3753 on 28 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9866,    Adjusted R-squared:  0.9862
F-statistic:  2067 on 1 and 28 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

El resumen del modelo ajustado proporciona información sobre los coeficientes, errores estándar y estadísticas de ajuste, permitiendo evaluar la calidad del modelo.

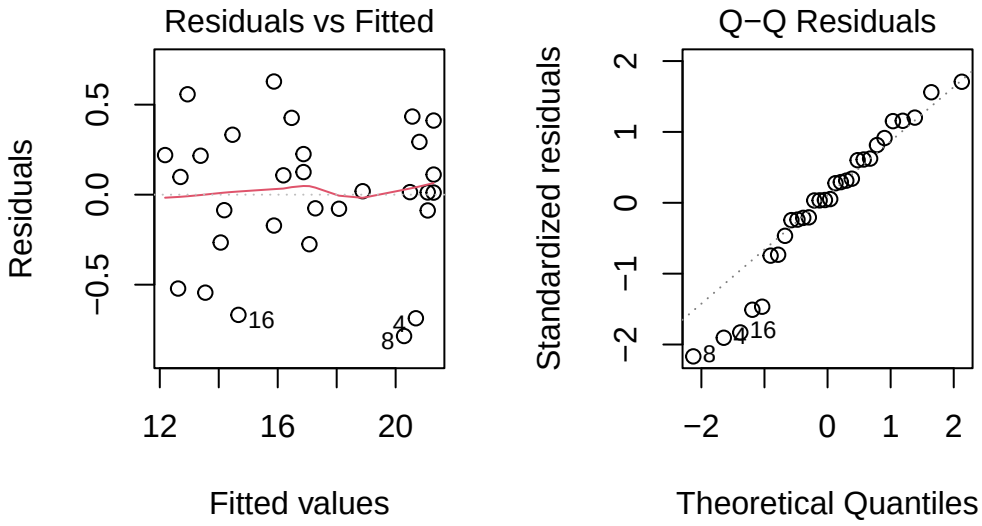
Explicación del código:

1. **`lm()`**: Esta función ajusta un modelo de regresión lineal donde la cantidad de esporofitos es la variable dependiente y la altura es la variable independiente.
2. **`summary(regsimple)`**: Proporciona un resumen del modelo ajustado, incluyendo coeficientes, errores estándar y estadísticas de ajuste.

21.5.5 Gráficos de Diagnóstico para evaluar los supuestos del modelo

Se generan gráficos de diagnóstico para evaluar los supuestos del modelo.

```r
# Gráficos de diagnóstico de los supuestos
par(mfrow=c(1,2)) # Crea una matriz de dos gráficos
plot(regsimple, which=1:2)
```



```r
par(mfrow=c(1,1)) # Devuelve a su estado normal el área de gráficos
```

Estos gráficos ayudan a verificar la linealidad y la homocedasticidad, asegurando que los supuestos del modelo se cumplan.

Explicación del código:

`plot(regsimple, which=1:2)`: Genera los gráficos de residuos y ajuste, que ayudan a verificar la linealidad y la homocedasticidad.

21.5.6 Prueba de Normalidad de los Residuos

Se realiza la prueba de Shapiro-Wilk para evaluar la normalidad de los residuos.

```r
# Realizar la prueba de Shapiro-Wilk en los residuos
shapiro.test(residuals(regsimple))
```

```
    Shapiro-Wilk normality test

data:  residuals(regsimple)
W = 0.95651, p-value = 0.2516
```

Explicación:

`shapiro.test(residuals(regsimple))`: Esta prueba evalúa si los residuos del modelo siguen una distribución normal. Un valor p por debajo del nivel de significancia (< 0.05) indica que los residuos no son normales. Para el ejemplo el valor de p es de 0.2516 por lo que no se rechaza la hipótesis nula y por lo tanto no hay suficiente evidencia estadística para indicar que los residuos no son normales.

21.5.7 Prueba de Homocedasticidad de la varianza

Finalmente, se evalúa el supuesto de homocedasticidad utilizando la prueba de heterocedasticidad.

```r
# Realizar prueba para el supuesto de homocedasticidad
ncvTest(regsimple)
```

```
Non-constant Variance Score Test
Variance formula: ~ fitted.values
Chisquare = 0.07681442, Df = 1, p = 0.78166
```

Explicación:

`ncvTest(regsimple)`: Esta función evalúa si la varianza de los residuos es constante a lo largo de los valores de la variable independiente. Un valor p menor al nivel de significancia (<0.05) sugiere que hay heterocedasticidad, lo que puede invalidar el modelo. Para este ejemplo el valor de p es 0.78166 por lo que no hay evidencia estadística suficiente para indicar que la varianza de los residuos no es contante.

22 Regresión múltiple usando R

22.1 Notas:

En esta sección se desarrollará un ejemplo de regresión multiple

Esta pendiente de finalización y carga