LABORATORIO2 BIOINFORMÁTICA SERGIO SUALDEA Y JUAN JARÉN

Crear un nuevo datframe con todas las especies menos los Droides

starwars_nodroids <- starwars %>% filter(species != "Droid")

¿Cuántos registros cumplen las condiciones finales?

#77 personajes que no son especie Droide

¿Cómo calcularías la desviación estándar (sd) de esos parámetros?

tabla_estadistica <- starwars %>% group_by(species) %>% summarise(mean_height = mean(height, na.rm=TRUE), mean_mass = mean(mass, na.rm = TRUE), sd_height = sd(height, na.rm=TRUE), sd_mass = sd(mass, na.rm = TRUE))

Al crear los gráficos puedes observar que hay un punto que corresponde a un personaje con una masa muy grande. Inspecciona el datset, filtra usando las funciones de tidyverse, crea un nuevo dataframe sin ese personaje y crea de nuevo el gráfico final.

#Descubrimos quien es el que mas pesa

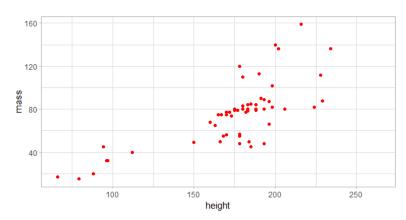
masas <- starwars %>% select(name, mass)

#Ahora creamos un dataframe sin este personaje

starwars_sin_gordo <- starwars %>% filter(name != "Jabba Desilijic Tiure")

#Creamos el plot del nuevo dataframe

ggplot(starwars_sin_gordo, aes(height,mass)) + geom_point(colour = "red") + theme_light()



EJERCICIO

Cargamos en R studio el dataset toy.csv

Inspecciona el dataset, haz un resumen de la media (mean) de las variables (Peso, Altura,IMC, IAS, CCintura). Agrupando por sexo.

media_variables_sexo <- toy %>% group_by(Sex) %>% summarise(mean_peso = mean(Weight_Kg, na.rm=TRUE), mean_altura = mean(Height_cm, na.rm=TRUE), mean_IMC = mean(IMC_clas, na.rm=TRUE), mean_IAS = mean(IAS, na.rm=TRUE), mean_Ccintura = mean(Ccintura, na.rm=TRUE))

Haz una tabla sólo con los pacientes femeninos

pacientes_femenino <- toy %>% filter(Sex != "Men")

¿Cuántos registros cumplen las condiciones?

Hay 58 pacientes femeninos

¿De estos cuantos tienen Sobrepeso (Overweight)?

pacientes_femenino %>% filter(IMC_clas == "Overweight") %>% tally()

Haz un gráfico usando ggplot relacionando el IMC (Indice de masa corporal) con el peso (Weight_Kg) de todos los pacientes.

ggplot(toy, aes(IMC, Weight_Kg)) + geom_point()

Repítelo filtrando sólo los pacientes categorizados como "Overweight" y "Obesity".

pacientes_sobrepeso_obesidad <- toy %>% filter(IMC_clas != "Normal")
ggplot(pacientes_sobrepeso_obesidad, aes(IMC, Weight_Kg)) + geom_point()