

## Lab-2.R

Usuario

2022-05-20

```
# Alejandro
# 10/02/2022
# Laboraorio_2

# Importar datos -----
--

#getwd()
#setwd("C:/Users/alejandro/Documents/GitHub/Estadistica/Estadistica_Principios_2022/Clases")
#trees <- read.csv("DBH_1.csv", header = T)
head(trees)

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

# Ingresar datos directo en La consola

dbh <- c(16.5, 25.3, 22.1, 17.2, 16.1, 8.1, 34.3, 5.4, 5.7, 11.2, 24.1,
14.5, 7.7, 15.6,
        15.9, 10.0, 17.5, 20.5, 7.8, 27.3, 9.7, 6.5, 23.4, 8.2, 28.5,
10.4, 11.5, 14.3, 17.2, 16.8)

# Datos de URL no seguras (http)

prof.url <-
"http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/7635/1/accionesInspeccionvsr
m.csv"
profepa <- read.csv(prof.url)
head(profepa)

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

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

prof.url_2 <-
paste0("http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/7635/1/accionesInspeccionvstrm.csv")

#profepa2 <- read.csv(prof_url_2)
head(profepa)

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

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

#library(repims) # descargar
#conjunto <-
source_data("https://www.dropbox.com/s/hmsf07bbayxv6m3/cuadro1.csv?dl=1")
#head(conjunto)

# muestra las primeras seis filas de La 8D

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

##  Arbol Fecha Especie Clase Vecinos Diametro Altura
## 1     1    12      F     C      4     15.3   14.78
## 2     2    12      F     D      3     17.8   17.07
## 3     3     9      C     D      5     18.2   18.28
## 4     4     9      H     S      4      9.7    8.79
## 5     5     7      H     I      6     10.8   10.18
## 6     6    10      C     I      3     14.1   14.90

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

#mean(trees$dbh)
sd(trees$dbh)

## [1] NA

sum(trees$dbh < 10)
```

```
## [1] 0
which(trees$dbh < 10)
## integer(0)
trees.13 <- trees[!(trees$parcela=="2"),]
trees.13

## [1] Girth Height Volume
## <0 rows> (or 0-length row.names)

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

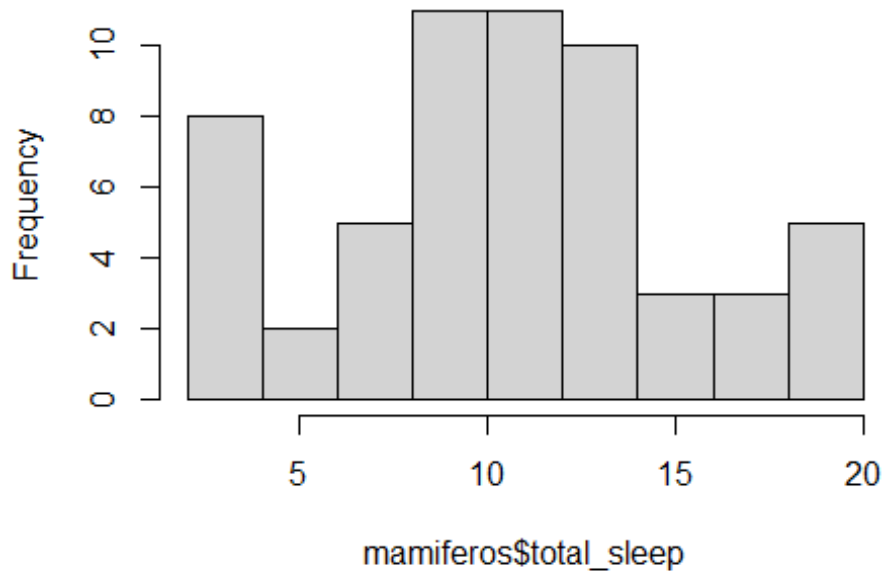
##      Girth Height Volume
## 6    10.8      83    19.7
## 8    11.0      75    18.2
## 9    11.1      80    22.6
## 13   11.4      76    21.4
## 16   12.9      74    22.2
## 19   13.7      71    25.7

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

# Histogramas

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

**Histogram of mamiferos\$total\_sleep**



```
xlim = c(0,20)
ylim = c(0,14)

# Cambiar los limites de x & y
main = "total de horas sueño de las 39 especies"
xlab = "Horas de sueño"

# Cambiar ejes de la x
ylab = "Frecuencia"

# Cambiar ejes de la y
las = 1

# Cambiar orientacion de y
col = ("996600")

# Cambiar color de las barras

#data("chickwts")
head(chickwts[c(1:2,42:43, 62:64), ])

##      weight      feed
## 1      179 horsebean
## 2      160 horsebean
## 42     226 sunflower
## 43     320 sunflower
```

```
## 62    379    casein
## 63    260    casein

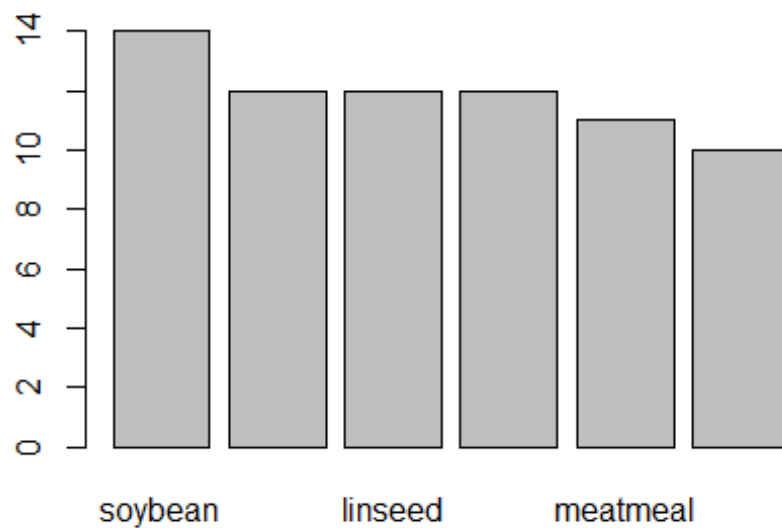
feeds <- table(chickwts$feed)
feeds

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

barplot(feeds)
```



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



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

### Frecuencia por tipos de alimentacion

