```
# APPT
# 10/02/2022
# Laboratorio 2
# Importar datos
getwd()
setwd("C:/Users/isa r/OneDrive - Universidad Autonoma de Nuevo León/2do.
SEMESTRE/PRINCIPIOS DE ESTADÍSTICA/Ana Principios Estadistica 0126
/Laboratorios")
trees <- read.csv("BDH 1.csv", header = T)</pre>
head(trees)
# Ingresar datos directo en la consola
dbh <- c(16.5, 25.3, 22.1, 17.2, 16.1, 8.1, 34.3, 5.4, 5.7, 11.2, 24.1,
14.5, 7.7, 15.6, 15.9, 10, 17.5, 20.5, 7.8, 27.3, 9.7, 6.5, 23.4, 8.2,
28.5, 10.4, 11.5, 14.3, 17.2, 16.8)
# Datos de URL no seguras (http)
prof.url <-
"http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/7635/1/accionesInspeccionvsr
m.csv"
Profepa <- read.csv(prof.url)</pre>
head (Profepa)
prof url 2 <- paste0("http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/",</pre>
                      "file/7635/1/accionesInspeccionvsrm.csv")
profepa2 <- read.csv(prof url 2)</pre>
head(profepa2)
# Datos de URL seguras (https): Dropbox y Github
library(repmis) # descargar
conjunto <-
source data("https://www.dropbox.com/s/hmsf07bbayxv6m3/cuadro1.csv?dl=1")
head(conjunto) # muestra las primeras seis filas de la BD
library(readr)
file <- paste0("https://raw.githubusercontent.com/mgtagle/",</pre>
               "202 Analisis Estadistico 2020/master/cuadro1.csv")
inventario <- read.csv(file)</pre>
head(inventario)
# Operaciones con la base de datos
mean(trees$dbh) # signo $ informa la columna
sd(trees$dbh)
# Selección mediante restricciones
# iqual o mayor (>=), mayor que (>), iqual que (==), iqual o menor (<=),</pre>
menor que (<), no iqual (!=)
```

```
altura <- subset(trees, trees$dbh < 10)</pre>
# indica la sumatoria de los individuos en el objeto tree con un dbh < a
10
sum(trees$dbh < 10)</pre>
which(trees$dbh < 10)
trees.13 <- trees[!(trees$parcela=="2"),]</pre>
trees.13
# selección de submuestra
trees.1 <- subset(trees, dbh <= 10)</pre>
head(trees.1)
mean(trees$dbh)
mean(trees.1$dbh)
# Representación gráfica
# Histogramas
mamiferos <- read.csv("https://www.openintro.org/data/csv/mammals.csv")</pre>
hist(mamiferos$total sleep)
hist (mamiferos$total sleep, # Datos
     xlim = c(0,20), ylim = c(0,14), # Cambiar los límites de x & y
     main = "Total de horas sueño de las 39 especies", # Cambiar el
título
     xlab = "Horas sueño", # Cambiar eje de las x
     ylab = "Frecuencia", # Cambiar eje de las y
     las = 1, # Cambiar orientación de y
     col = "#996600") # Cambiar color de las barras
# Barplot o gráfico de barras
data("chickwts")
head(chickwts[c(1:2,42:43, 62:64), ])
feeds <- table(chickwts$feed)</pre>
feeds
barplot(feeds)
barplot(feeds[order(feeds, decreasing = TRUE)])
# Autoevaluación
barplot(sort(feeds), horiz = TRUE,
        main = "Frecuencias por tipos de alimentación",
        las = 1, xlab = "Número de pollos",
        col = c("#FFA000", "#FFB300", "#FFC107", "#FFCA28", "#FFD54F",
"#FFE082"))
```