

Un proyecto de datos tiene una gran cantidad de componentes. Sin embargo, en básicamente todos se necesita iterar sobre el ciclo que se muestra en la figura 1.

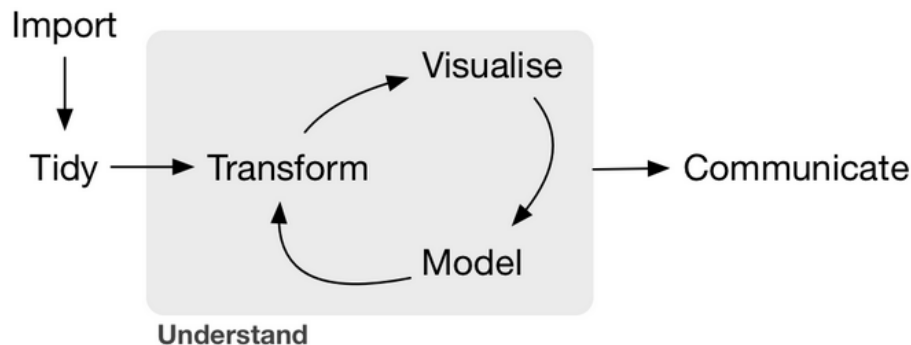


Figura 1: Modelo de las herramientas que se necesitan en un proyecto de datos según Grolemund y H. Wickham (2016, Introducción).

Primero es necesario **importar** nuestros datos a R. Los datos pueden estar en una gran cantidad de formatos o lugares.

Después, normalmente es necesario **limpiar** nuestros datos, es decir, seguir criterios de datos limpios de tal forma que el cómo guardemos los datos equivalga a la semántica de los datos que tenemos. Es muy importante primero limpiar porque esto provee de consistencia a lo largo del análisis.

Posteriormente, en casi todo proyecto, será necesario **transformar** los datos. A veces esto implica enfocarse en un subconjunto de los datos, generar nuevas variables, calcular estadísticos, arreglar los datos de cierta manera, entre muchos otros.

Solamente después de estas etapas podemos empezar a generar conocimiento a partir de los datos. Para esto tenemos dos herramientas fundamentales: la estadística descriptiva (en el diagrama reducido a **visualización**) y la generación de **modelos**. La primera es fundamental pues permite derivar preguntas pertinentes a los datos, encontrar patrones, respuestas, plantear hipótesis. Sin embargo, éstas no escalan de la misma manera que los modelos pues éstos, una vez que aceptamos sus supuestos, generan los resultados que esperamos o contestan la pregunta planteada.

Por último, necesitamos **comunicar** los resultados.

En este capítulo nos ocuparemos, por sección, únicamente de 4 de las etapas mencionadas: importación, limpieza, transformación y visualización.

## Importación de datos

Esta sección resume algunas de las funciones existentes para **importar** datos de distintos formatos a R. En la figura 2 podemos ver la etapa del análisis de datos correspondiente.

Para aplicar las herramientas de R a nuestro trabajo, es necesario poder importar nuestros datos a R. R tiene conectores ya implementados para casi cualquier tipo y formato de datos. Entre los más comunes están<sup>1</sup>:

Formato	Lectura	Escritura
rds	base::readRDS	base::saveRDS

<sup>1</sup>La lista no pretende ser comprehensiva, sin embargo, se presentan algunos de los formatos de datos más comunes. De igual forma, se presentan algunas funciones que sirven para conectar R con datos que están guardados en un manejador de datos externo o en la nube. En caso de presentarse más de un método es porque aunque la recomendación de uso es la función en negritas, la otra opción es más antigua y muy utilizada.

Formato	Lectura	Escritura
separado por *	<code>utils::read.table</code> ; <code>readr::read_delim</code>	<code>utils::write.table</code> ; <code>readr::write_delim</code>
csv	<code>utils::read.csv</code> ; <code>readr::read_csv</code>	<code>utils::write.csv</code> ; <code>readr::write_csv</code>
Microsoft Excel	<code>readxl::read_excel</code>	<code>xlsx::write.xlsx</code>
dbf	<code>foreign::read.dbf</code>	<code>foreign::write.dbf</code>
IBM SPSS	<code>haven::read_sav</code>	<code>haven::write_sav</code>
Stata	<code>haven::read_dta</code>	<code>foreign::write.dta</code>
SAS	<code>haven::read_sas</code>	<code>haven::write_sas</code>
Google spreadsheet	<code>googlesheets::gs_read</code>	<code>googlesheets::gs_new</code>
Google bigquery	<code>bigrquery::query_exec</code>	
Heroku Postgres	<code>sql2df</code>	<code>df2sql</code>
rdata	<code>base::load</code>	<code>base::save</code>

Los paquetes utilizados son (corre estos comandos en la consola):

```
library(foreign)
library(haven)
library(readr)
library(readxl)
library(xlsx)
library(googlesheets)
library(bigrquery)
```

### Importancia de rutas relativas

Para leer un archivo, recordemos el comando `getwd()` para encontrar la carpeta a la cual **R** esta dirigido en este momento. Una buena practica es considerar el directorio de trabajo como el lugar en donde esta guardado el archivo o **script** en el que se trabaja y “moverse” desde ahí hasta el archivo que se quiere leer.

Ya sea en escritura o en lectura, **R** buscará a partir del directorio de trabajo (el que se despliega con `getwd()`) para buscar a partir de ahí el archivo por leer o para guardar el que se escribirá si se usan rutas relativas.

En caso de usar rutas absolutas (a pesar de que esto **no** es una *buena práctica*) se hará lectura o escritura del archivo en el lugar especificado.



### Ejercicios

‘**R**’ tiene conexión con muchos de los formatos en los que se encuentran los datos. Veremos algunos de los mas relevantes.

El código en cada uno de los **chunks** (un chunk es el pedazo del documento en donde hay código de **R**) está hecho para que puedas correrlo en la consola (excepto cuando dice explícitamente *do not run* (leyenda comúnmente encontrada en los ejemplos de la documentación de las funciones. Con esto entenderás mejor el concepto de rutas relativas.

## rds

La extensión **rds** es de las más comúnmente utilizada en **R**, por ejemplo, para guardar los datos para un paquete. Las funciones pertenecen al **base** (R Core Team 2016a). Permiten guardar un solo objeto de **R** a un

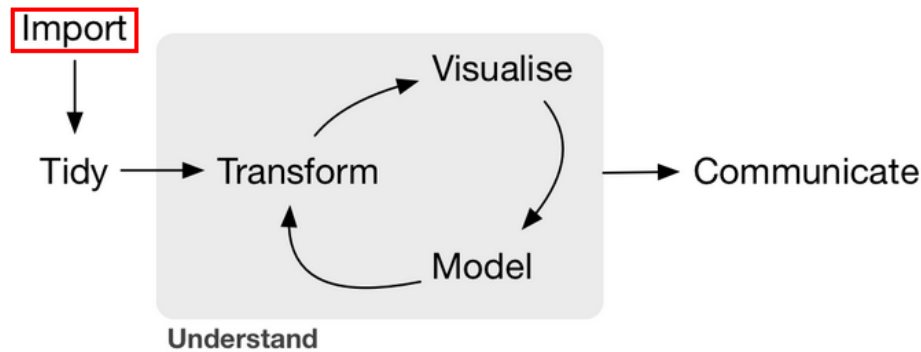


Figura 2: Importación en el análisis de datos Grolemond y H. Wickham (2016, Introducción).

archivo y recuperarlo.

Para **escribirlos**

```
# Creamos un dataframe llamado misdatos
misdatos <- iris
# Los guardamos en comprimido
saveRDS(misdatos, file = "misdatos.rds", ascii = FALSE, version = NULL,
        compress = TRUE, refhook = NULL)
```

Nota como si usas el comando `getwd()` y después vas a la ruta indicada por medio del explorador de archivos, verás en esa carpeta el archivo `misdatos.rds`.

Para **leerlos** usamos la ruta relativa. Dado que los guardamos en el directorio de trabajo actual (Recuerda, se puede cambiar con el comando `setwd`) entonces simplemente los llamamos:

```
misdatos <- readRDS("misdatos.rds")
# Los borramos
file.remove("misdatos.rds")
```

**separado por \***

Con esto nos referimos a la colección de archivos en texto plano, es decir, `.txt`, `.tsv`, `.psv`, etcétera.

Para **escribirlos** el mas común es `write.table` del paquete `utils` (R Core Team 2016b)

```
# Do not run
write.table(misdatos, file = "~/misdatos.<extension>", append = FALSE
, quote = TRUE, sep = " ", eol = "\n", na = "NA", dec = ".")
, row.names = TRUE, col.names = TRUE
, qmethod = c("escape", "double"), fileEncoding = "")
```

En el paquete `readr` se implementa también `write_delim`

```
# Do not run
write_delim(misdatos, path = "~/misdatos.<extension>"
, delim = "\t", na = "NA", append = FALSE, col_names = !append)
```

Escribamos ahora el *dataframe* `misdatos` en `psv`:

```
write_delim(misdatos, path = "misdatos.psv", delim = "|")
```

Para leerlos `read.table` del paquete `utils` (R Core Team 2016b) nos permite especificar casi cualquier particularidad en un archivo de texto plano.

```
# Do not run
misdatos <- read.table("~/misdatos.<extension>", header = FALSE
  , sep = ",", quote = "\"", dec = "."
  , numerals = c("allow.loss", "warn.loss", "no.loss")
  , row.names, col.names, as.is = !stringsAsFactors
  , na.strings = "NA", colClasses = NA, nrows = -1
  , skip = 0, check.names = TRUE
  , fill = !blank.lines.skip, strip.white = FALSE
  , blank.lines.skip = TRUE, comment.char = "#"
  , allowEscapes = FALSE, flush = FALSE
  , stringsAsFactors = default.stringsAsFactors()
  , fileEncoding = "", encoding = "unknown", text
  , skipNul = FALSE)
```

La función `read_delim` del paquete `readr` (Hadley Wickham, Hester y Francois 2016) lee los datos más eficientemente a un objeto de clase `tibble`.

```
# Do not run
misdatos <- read_delim(file = "~/misdatos.<extension>", delim
  , quote = "\"", escape_backslash = FALSE
  , escape_double = TRUE, col_names = TRUE
  , col_types = NULL, locale = default_locale()
  , na = c("", "NA"), quoted_na = TRUE, comment = ""
  , trim_ws = FALSE, skip = 0, n_max = Inf
  , guess_max = min(1000, n_max)
  , progress = interactive())
```

Leemos el archivo `.psv` que creamos antes:

```
misdatos <- read_delim(file = "misdatos.psv", delim = "|")
# Los borramos
file.remove("misdatos.psv")
```

## csv (archivo separado por comas)

Este es un caso particular de archivos de texto en el que se separan por comas. Como es muy utilizado, generalmente se hacen funciones donde ya se especifica el delimitador. Guardaremos el *data frame* `misdatos` en el directorio “arriba” de la ruta que se muestra usando `getwd`. Esto lo podemos hacer anteponiendo al nombre del archivo con `../`.

Para escribirlos

```
# utils
write.csv(misdatos, file = "../misdatos.csv", row.names = F)
# readr
write_csv(misdatos, path = "../misdatos.csv", na = "NA", append = FALSE)
```

Observa en el explorador de archivos en dónde es que se guardó el archivo `misdatos.csv`.

Para leerlos, seguimos usando rutas relativas.

```
# utils - como data.frame
misdatos <- read.table("../misdatos.csv", header=TRUE,
  sep=",")
```

```

misdatos <- read.csv("../misdatos.csv")

# readr - como tibble
misdatos <- read_csv("../misdatos.csv")

# Lo borro
file.remove("../misdatos.csv")

```

## Microsoft Excel

Para **escribirlos** dentro del paquete `xlsx` usamos la función `write.xlsx`

```

misdatos <- iris
write.xlsx(misdatos, "misdatos.xlsx", row.names = F)

```

Para **leerlos** dentro del paquete `readxl` se encuentra la función `read_excel` que es muy útil en este caso.

```

misdatos <- read_excel("misdatos.xlsx", sheet = 1, col_names = TRUE,
col_types = NULL, na = "", skip = 0)

# Lo borro
file.remove("misdatos.xlsx")

```

## dbf

Extensión que representa un archivo de una base de datos (*database file*).

Para **escribirlos**:

```

write.dbf(as.data.frame(misdatos), "misdatos.dbf")

```

Nota cómo tuvimos que coercionar el objeto a *data frame*. Como en el ejemplo anterior leímos un *tibble* y el paquete `foreign` es más viejo (y no conoce los *tibbles*) entonces le mandamos un objeto que si conoce.

Veremos más adelante la ventaja de usar *tibbles* aún cuando de vez en cuando se tienen problemas de compatibilidad.

Para **leerlos**:

```

misdatos <- read.dbf("misdatos.dbf")
# Lo borro
file.remove("misdatos.dbf")

```

## IBM SPSS

SPSS puede guardar los datos agregando etiquetas y otros metadatos. Para evitar retrabajo, puede leerse directamente a R.

Para **escribirlos**

```

# haven
write_sav(data = misdatos, path = "misdatos.sav")

```

Para **leerlos**

```
# haven - como tibble
misdatos <- read_sav(file = "misdatos.sav", user_na = FALSE)

# Lo borro
file.remove("misdatos.sav")
```

## Stata

### HOME DIRECTORY

El directorio (carpeta) *home* es muy utilizado. Normalmente, se le denota como `~` y es en donde un sistema operativo guarda los archivos del usuario que se encuentra en sesión. Dependiendo del sistema operativo que utilices, encontrarás este directorio en una ruta específica.

En Microsoft Windows Vista 7, 8 y 10 lo encuentras en `<root>\Users\<username>`.

En Linux lo encuentras en `/home/<username>`.

En Mac OS X lo encuentras en `/Users/<username>`.

Para **escribirlos** en Stata primero tenemos que cambiar los nombres de las variables en el *data frame* pues Stata no admite puntos en los nombres:

```
names(misdatos) <- tolower(gsub("\\.", "_", names(misdatos)))
# foreign
write.dta(data = misdatos, file = "~/misdatos.dta", version = 12)
```

Para leerlos

```
# haven - como tibble
misdatos <- read_dta(file = "~/misdatos.dta", encoding = NULL)

# Lo borramos
file.remove("~/misdatos.dta")
```

## SAS

Para usar el paquete **haven** en este caso ejemplificaremos la creación de un directorio de archivos en tu computadora desde R:

```
# Creamos un directorio llamado datos
dir.create("datos_sas")
```

Observa como, en el directorio que se despliega con `getwd` encuentras ahora una carpeta llamada `datos_sas`. Creamos ahí un archivo con la función `write_sas` de **haven**. Nota que, para **escribirlos**, también debemos asegurarnos que los nombres de variables estén compuestos por letras, números o guiones bajos:

```
misdatos <- iris
names(misdatos) <- tolower(gsub("\\.", "_", names(misdatos)))
# haven
write_sas(data = misdatos, path = "datos_sas/misdatos.sas7bdat")
```

Para leerlos, utilizamos `read_sas` del paquete **haven**:

```
# haven - como tibble
misdatos <- read_sas("datos_sas/misdatos.sas7bdat", catalog_file = NULL, encoding = NULL)
```

Observa desde el explorador de archivos, cómo se creó el archivo dentro del directorio `datos_sas/`. También desde R podemos borrar el directorio:

```
unlink("datos_sas", recursive = T, force = FALSE)
```

La bandera `recursive` le dice al sistema que borre todo lo contenido en esa carpeta.

## Google Spreadsheet

Para hacer este ejercicio, debes tener una cuenta de `gmail`.

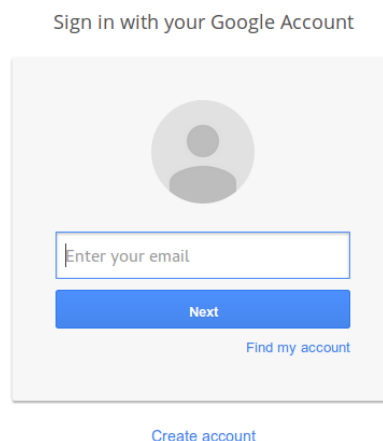
Primero, debe realizarse la autenticación. Esto lo puedes hacer en cualquier sesión interactiva utilizando alguna función del paquete `googlesheets`

```
gs_ls()
```

En la consola de R te aparece:

```
> library(googlesheets)
> gs_ls()
Waiting for authentication in browser...
Press Esc/Ctrl + C to abort
```

Se abrirá una ventana del explorador y deberás introducir tus credenciales de tu cuenta de `gmail`





One Google Account for everything Google

A row of small, colorful icons representing various Google services: the Google 'G' logo, Gmail, Google Maps, YouTube, Google Drive, Google Assistant, and Google Chrome.

Después de poner tus credenciales, te aparecerá un mensaje pidiendo acceso a tus datos en `drive`:

google sheets would like to:

 View and manage the files in your Google Drive 

 View and manage your spreadsheets in Google Drive 

By clicking Allow, you allow this app and Google to use your information in accordance with their respective terms of service and privacy policies. You can change this and other [Account Permissions](#) at any time.

Deny

Allow

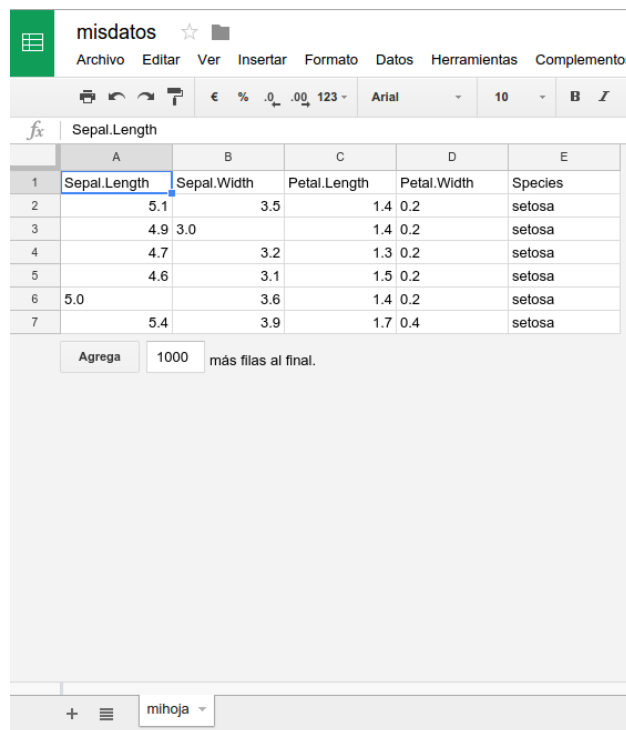
Al aceptar darle acceso, recibirás un mensaje parecido a *Authentication complete. Please close this page and return to R.*

Ahora verás en la consola de R un listado de las `google spreadsheets` en tu cuenta de `gmail`.

Ahora, vamos a **escribir** una nueva hoja en tu cuenta.

```
gs_new("misdatos", ws_title = "mihoja", input = head(iris), trim = TRUE, verbose = FALSE)
```

Si vas a tu google drive, deberás ver que se creó un nuevo elemento que se ve así:



	A	B	C	D	E
1	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species
2	5.1	3.5	1.4	0.2	setosa
3	4.9	3.0	1.4	0.2	setosa
4	4.7	3.2	1.3	0.2	setosa
5	4.6	3.1	1.5	0.2	setosa
6	5.0	3.6	1.4	0.2	setosa
7	5.4	3.9	1.7	0.4	setosa

De igual forma, puedes ahora **leer** los datos de cualquier `google spreadsheet` que tengas en tu cuenta.

```
misdatos <- gs_read(gs_title("misdatos"), ws = "mihoja")  
# La borro  
gs_delete(gs_title("misdatos"))
```

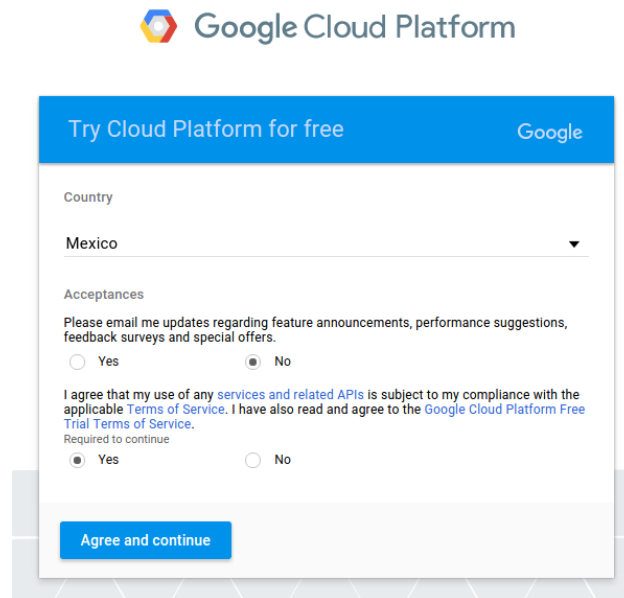


## Google bigquery

Google **bigquery** es un *data warehouse* que permite guardar grandes bases de datos. Al contratar el servicio, google se encarga del *hardware* y la infraestructura necesaria para que su procesamiento sea rápido (Platform 2016).

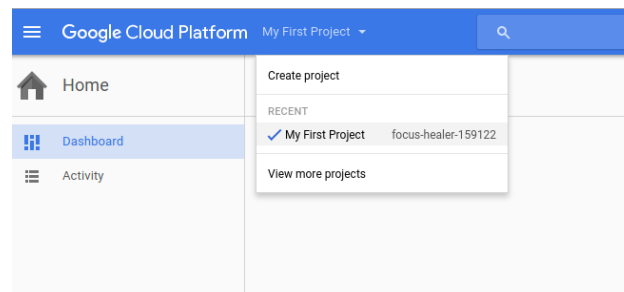
Para guardar tus datos en **bigquery** debes crear un proyecto en la consola de desarrolladores.

Existen varias bases de dato públicas disponibles. Para poder utilizarlas, necesitas tener una cuenta. Puedes empezar una prueba gratis en la página de google cloud platform. Verás una pantalla como esta:



The image shows the Google Cloud Platform sign-up page. At the top, there's a blue header with the Google Cloud Platform logo and the text 'Try Cloud Platform for free' and 'Google'. Below this is a form with a 'Country' dropdown menu set to 'Mexico'. Under 'Acceptances', there are two sections: one for email updates with 'Yes' and 'No' radio buttons ( 'No' is selected), and another for terms of service with 'Yes' and 'No' radio buttons ( 'Yes' is selected). A blue 'Agree and continue' button is at the bottom.

Sigue las instrucciones y eventualmente llegarás a una pantalla como esta



Copia el identificador de tu proyecto para que puedas realizar **queries** (llamadas a las bases de datos).

Leemos la base de datos pública de natalidad en Estados Unidos.

```
project <- "focus-healer-159122" # pon tu projectID aquí

sql <- 'SELECT year, count(*) as babies, avg(mother_age) as mother_age_avg
FROM[publicdata:samples.natality]
WHERE year > 1980 and year < 2006
group by year;'
```

```
data <- query_exec(query = sql, project = project)
```

Nota como la tabla cuenta con aproximadamente. 140 millones de registros y se obtiene el detalle en segundos.

## Heroku Postgres

R no es un manejador de base de datos y, por ende, no es un lenguaje que permite trabajar con una gran cantidad de datos. R guarda los objetos utilizando la memoria virtual de la computadora, i.e. la RAM, misma que depende de varios elementos (incluido el sistema operativo) y que limita los datos que podrán ser procesados.

Cuando necesitamos conocer el tamaño de los datos que están en el ambiente de trabajo, puede utilizarse el paquete `pryr` (Hadley Wickham 2015, sección “the role of physical memory”).

```
rm(list = ls()) # borramos los objetos del ambiente
# Cargamos datos al ambiente
flights <- read_csv("data/flights.csv")
airports <- read_csv("data/airports.csv")
planes <- read_csv("data/planes.csv")
ls() # mostramos los objetos en el ambiente

library(pryr) # Cargamos el paquete pryr
mem_used() # memoria utilizada

object_size(flights, units = "Mb") # Obtenemos el tamaño de un objeto
sapply(ls(), function(x) object_size(get(x))) # de todos en el ambiente
```

Las estrategias en memoria se revisaron brevemente en el apartado XXX, en este caso, es pertinente mencionar las estrategias fuera de memoria (*out of memory*).

Es posible explorar un conjunto de datos sin necesidad de cargarlos en R pero utilizando comandos de R y trabajando desde un script de R, permitiendo que herramientas más eficientes (y apropiadas) para el trabajo de grandes volúmenes de datos realicen el procesamiento de los mismos.

Los sistemas gestores de base de datos están optimizados para almacenar y buscar en grandes volúmenes de datos en forma más eficiente que R. Algunos ejemplos populares son Oracle y PostgreSQL (Peng, Kross y Anderson 2016, sección “working with large datasets”). Hay múltiples paquetes que permiten establecer una conexión con estos sistemas desde una sesión de R.

Los paquetes `DBI` y `Postgresql` permiten realizar esta tarea. Debido a que requieren credenciales se muestra una función para leer datos desde `PostgreSQL` y escribirlos sin necesidad de poner las credenciales dentro del mismo script.

Para que funcionen apropiadamente, es necesario poner en el directorio de trabajo un archivo llamado `parametros.yaml` en donde se escriben las credenciales para Postgres:

```
host : localhost
db : postgres
username : usr
password : password
```

Nota: el salto de línea en la última línea es importante.

Para leer datos, creamos una función a la que podemos enviarle una cadena de comandos en SQL.

```
sql2df <- function(sql.file, df.file = "") {
  require(DBI)
```

```

require(futile.logger)
require(yaml)
require(RPostgreSQL)

if(!file.exists(df.file)) {
  if(file.exists("./parametros.yaml")) {
    x <- yaml::yaml.load_file("./parametros.yaml")
  } else {
    x <- yaml::yaml.load_file("../parametros.yaml")
  }

  # Creamos la conexión a la base de datos
  futile.logger::flog.info("Conectando a la base de datos")

  con <- dbConnect(RPostgreSQL::PostgreSQL(), dbname = x$db,
                    host = x$host,
                    port = 5432,
                    user = x$username,
                    password = x$password)

  futile.logger::flog.info("Conectado a %s, como %s", x$host, x$username)

  # Leemos el query
  sql <- paste(readLines(sql.file,encoding="UTF-8"), sep=" ", collapse=" ")

  tryCatch( {
    futile.logger::flog.info("Ejecutando el query")
    # Creamos el query
    rs <- RPostgreSQL::dbSendQuery(con, sql)
    futile.logger::flog.info("Obteniendo los datos")
    # Obtenemos los datos
    df <- DBI::dbFetch(rs)
    # Liberamos el ResultSet
    futile.logger::flog.info("Limpiando el result set")
    RPostgreSQL::dbClearResult(rs)
  }, finally=RPostgreSQL::dbDisconnect(con) # Nos desconectamos de la BD
  )

  if(df.file != ""){
    saveRDS(object=df, file=df.file)
  }
} else {
  df <- readRDS(df.file)
}

return(df)
}

```

La función `sql2df2` recibe como parámetro, como cadena, la ruta hacia un archivo de extensión `.sql` con los comandos a ejecutar en el manejador de base de datos. Éste puede verse, por ejemplo, como:

```

select *
from information_schema.tables

```

---

<sup>2</sup>Función adaptada de notas de Adolfo de Únanue.

```
where table_schema = 'information_schema';
```

Guardamos ésta en el archivo `sql/ejemplo.sql` la cláusula de arriba. Después, llamamos a la función.

```
datos <- sql2df("sql/ejemplo.sql", df.file = "ejemplo.rds")
head(datos)
```

Con el parámetro `df.file` es posible especificar una ruta para que se guarde una copia local del resultado de los datos. Esto es útil cuando se está trabajando con los datos, de forma que sea más rápido el trabajo con los mismos.

Para escribir datos, podemos utilizar la función siguiente:

```
df2sql <- function(data.frame, df.schema.name, df.table.name, owner.to = NA) {
  require(DBI)
  require(futile.logger)
  require(yaml)
  require(RPostgreSQL)
  data.frame <- data.frame(data.frame)
  # Normalizamos nombres
  names(data.frame) <- normalizarNombres(names(data.frame))

  if(file.exists("./parametros.yaml")) {
    x <- yaml::yaml.load_file("./parametros.yaml")
  } else {
    x <- yaml::yaml.load_file("../parametros.yaml")
  }

  # Creamos la conexión a la base de datos
  futile.logger::flog.info("Conectando a la base de datos")

  con <- dbConnect(RPostgreSQL::PostgreSQL(), dbname = x$db,
                    host = x$host,
                    port = 5432,
                    user = x$username,
                    password = x$password)
  futile.logger::flog.info("Conectado a %s, como %s", x$host, x$username)

  tryCatch( {
    flog.info("Ejecutando la escritura de tabla %s en el esquema %s", df.table.name, df.schema.name)
    # Definimos el camino al esquema deseado
    if(df.schema.name != "public"){
      dbSendQuery(conn = con, statement = paste0("SET search_path = ", df.schema.name, ", public;"))
    }
    long.name <- paste0(df.schema.name, ".", df.table.name)
    # Escribimos la tabla
    dbWriteTable(con,
                  df.table.name,
                  data.frame,
                  overwrite=FALSE,
                  append = TRUE)

    flog.info("Escribiendo los datos")

    if(!is.na(owner.to)){
      flog.info("Otorgando ownership a %s", owner.to)
    }
  }, error = function(e) {
    flog.error(e)
  })
}
```

```

    dbSendQuery(con, paste0("alter table ", long.name, " owner to ", owner.to, ";"))
  }

}, finally=dbDisconnect(con) # Nos desconectamos de la BD
)
flog.info("Escritura finalizada")
}

# Función de ayuda
normalizarNombres <- function(column_names) {
  require(magrittr)
  gsub("\\s+", " ", stringr::str_trim(column_names)) %>%
  gsub("^ *|(?<= ) | *$", "", ., perl=T) %>%
  gsub('\\ \\|\\. ', '_ ', .) %>%
  gsub("([a-z])([A-Z])", "\\1_\\2", ., perl = TRUE) %>%
  gsub('ñ', 'n', .) %>%
  iconv(., to='ASCII//TRANSLIT') %>%
  tolower(.)
}

```

Se especifican en los parámetros el data.frame a escribir, una cadena de caracteres indicando el esquema en el que se escribirá la base, una cadena indicando el nombre de la tabla y es posible especificar qué dueño deberá asignarse para la base:

```
df2sql(iris, "public", "iris", owner.to = "usr")
```

## rdata

También es posible guardar objetos específicos del ambiente dentro de un formato especial con extensión **rdata** o **RData**. Esto es muy útil, por ejemplo, para guardar modelos u otros objetos y después poder utilizarlos en producción o en alguna aplicación que requiera un tiempo de respuesta bajo.

Para **escribirlos**

```

save(...,
  file = "~/misdatos.rdata",
  ascii = FALSE, version = NULL, envir = parent.frame(),
  compress = isTRUE(!ascii), compression_level,
  eval.promises = TRUE, precheck = TRUE)

```

Nota como ... pueden ser uno o más objetos de R.

Para **leerlos**

```
load("~/misdatos.rdata")
```

Los objetos se cargarán al ambiente con los nombres con los que fueron guardados.