Una introducción breve a R

José Hernández-Orallo
M.José Ramírez-Quintana
Universitat Politècnica de València

23 de octubre de 2018

Índice

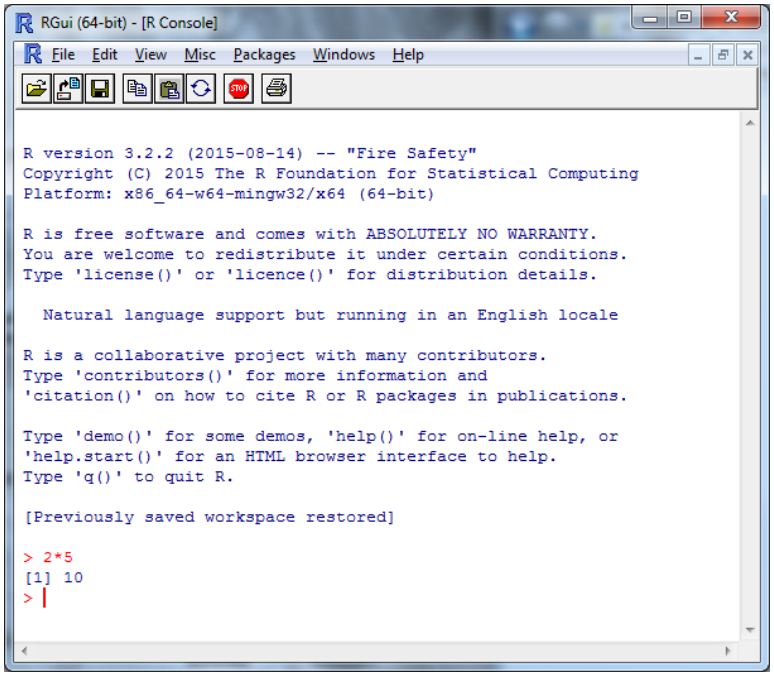
1. El Entorno R

R es un software de código abierto con licencia GNU para el análisis de datos. Una de las principales ventajas de R es que nos permite conocer cómo son los datos, qué podemos hacer con ellos o cómo podemos transformarlos. R es un lenguaje orientado a objetos (aunque también posee características de otros lenguajes funcionales, imperativos,...) muy potente, flexible y especialmente "extensible", con una interfaz por línea de comandos, aunque existen interfaces gráficas disponibles para usar con R . Es también un lenguaje interpretado, lo cual significa que los comandos escritos en el teclado son ejecutados directamente sin necesidad de construir ejecutables. Adicionalmente, R es un lenguaje matricial con una sintaxis muy simple e intuitiva.

Este entorno está disponible para múltiples plataformas (consulta http://cran.r-project.org/). R es un lenguaje muy extendido por lo que existen muchos libros, videos y tutoriales que os pueden ayudar tanto en la instalación de R como en el aprendizaje de este lenguaje. Por ejemplo, el tutorial on-line que podéis encontrar en http://www.r-tutor.com/r-introduction.

En la figura siguiente se muestra la consola de R. En la línea de comandos aparece el símbolo ">" indicando que R está preparado para recibir comandos. R usa diferentes colores para distinguir los comando introducidos por el usuario (en azul) de las respuestas proporcionadas a estos comandos. Observa la respuesta de R al comando $2 * 3$. Antes del resultado, 6, hay un 1 entre corchetes. Este número indica el número de línea de la respuesta y es muy útil cuando la respuesta consta de muchas líneas (como cuando visualizamos un dataset) ya que nos permite ir hacia atrás.

Al ser R orientado a objetos, las variables, datos, funciones, resultados, etc., se guardan en la memoria activa del computador en forma de objetos con un nombre específico. El nombre de un objeto debe comenzar con una letra (A-Z and a-z) y puede incluir letras, dígitos (0-9), y puntos (.). R discrimina entre letras mayúsculas y minúsculas para el nombre de un objeto, de tal manera que x y X se refiere a objetos diferentes.



El símbolo # comenta una línea hasta el final de la misma.

2. Creación de objetos. Asignación. Atributos.

Un objeto puede ser creado con el operador "− >" o "< −" dependiendo de la dirección en que asigna el objeto:

```
> x<-5  #ejemplo de asignación
> x
[1] 5
> y<-3*3
> y
[1] 9
```

Si el objeto ya existe, su valor anterior es borrado después de la asignación (la modificación afecta solo objetos en memoria, no a los datos en el disco). Alternativamente podemos usar "=" o el comando `assign`.

```
> assign("X",3.4)
```

```
> X
[1] 3.4
> y=2
> y
[1] 2
```

Los objetos en R , además de nombre y contenido, también tiene atributos que especifican el tipo de datos representados por el objeto. Todo objeto tiene dos atributos intrínsecos: tipo y longitud. El tipo se refiere a la clase básica de los elementos en el objeto (numérico, carácter, complejo y lógico). La longitud es simplemente el número de elementos en el objeto. Para ver el tipo y la longitud de un objeto se pueden usar las funciones `mode` (o alternativamente `class()`) y `length`, respectivamente:

```
> A<-"Data Science"; h=17; l<-TRUE
>  mode(A); mode(h); mode(l)
[1] "character"
[1] "numeric"
[1] "logical"
```

3. Vectores

El tipo de objeto más básico en R es el vector. Incluso cuando ponemos `x<-3` estamos creando un vector con un único elemento. Los vectores se usan para almacenar valores pertenecientes a un mismo tipo atómico (caracter, lógico, numérico y complejo). En R los vectores se crean usando la función `c( )`:

```
> v<-c("AVS","DAS", "DIM","TVD")
> v
[1] "AVS" "DAS" "DIM" "TVD"
> length(v)
[1] 4
> mode(v)
[1] "character"
```

Si los tipos son diferentes se fuerza la coerción.

```
 > u<-c(1,2,4,6.0)
> u
[1] 1 2 4 6
> w<-c(1.3,2.5,3.9,5)
> w
[1] 1.3 2.5 3.9 5.0
```

Se puede hacer coerción explícita usando las funciones `as.*` tal y como indica la siguiente tabla:

Función	Conversión
as.numeric	FALSE → 0
	TRUE → 1
	"1", "2", . . . → 1,2,. . .
	"A",. . . → NA
as.logical	0 → FALSE
	otros números → TRUE
	"FALSE", "F" → FALSE
	"TRUE", "T" → TRUE
	otros caracteres → NA
as.character	1,2, . . . → "1", "2",. . .
	FALSE → "FALSE"
	TRUE → "TRUE"

```
>  u<-c(1,2,3,4)
> class(u)
[1] "numeric"
> as.numeric(u)
[1] 1 2 3 4
> as.logical(u)
[1] TRUE TRUE TRUE TRUE
> as.character(u)
[1] "1" "2" "3" "4"
> x<-c("a","b","c")
> mode(x)
[1] "character"
> as.numeric(x)
```

```
[1] NA NA NA
Mensajes de aviso perdidos
NAs introducidos por coerción
```

También podemos crear un vector con la función `vector()` indicando su modo y longitud. El vector se creará inicializado a un valor por defecto (por ejemplo, si es numérico con 0, si es caracter con “”, si es lógico con FALSE, ...).

```
> x <- vector("numeric", length = 10)
> x
 [1] 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
```

Para acceder a un elemento del vector, ponemos su índice entre corchetes simples:

```
> v[2]
[1] "DAS"
> v[5]<-"MITSS"
> v
[1] "AVS"   "DAS"   "DIM"   "TVD"   "MITSS"
> t<-c(v[2],v[4])
> t
[1] "DAS" "TVD"
```

R dispone de varias funciones que trabajan con vectores:

Operadores usuales	$+, -, *, /, \hat{}$
Funciones aritméticas	log, exp, sin, cos, tan, sqrt, etc
Máximo, mínimo y rango	max, min, range
Longitud	length
Producto y suma	prod, sum
Media y varianza	mean, var
Ordenación	sort

4. Factores y Tablas

Un factor es un vector utilizado para especificar valores discretos de los elementos de otro vector de igual longitud. En R existen factores nominales y factores ordinales. Los factores tienen *levels* que son los posibles valores que pueden tomar aunque R almacena estos valores como códigos numéricos (más eficiente). Supongamos que disponemos de una muestra de 8 personas de las que conocemos qué mascota tienen

```
> pet<-c("cat","dog","dog","cat","cat","snake",
+ "parrot","cat")
> pet
[1]"cat""dog" "dog" "cat""cat" "snake" "parrot" "cat"
> Fpet<-factor(pet)
> Fpet
[1] cat  dog  dog  cat  cat  snake  parrot cat
Levels: cat dog parrot snake
> levels(Fpet)
[1] "cat"   "dog"   "parrot"  "snake"
> mode(Fpet)
[1] "numeric"
```

Podemos usar los factores para contar las ocurrencias de cada valor (level). Para ello usamos la función `table()`:

```
> table(Fpet)
Fpet
   cat    dog   parrot  snake
     4      2        1      1
```

Esta función también puede cruzar varios factores (dando lugar a una tabla de contingencia). Por ejemplo, podemos crear otro factor con la información de si el propietario de la mascota es un niño o una niña.

```
> own<-factor(c("girl","boy","boy","girl","girl",
+ "boy","boy","boy"))
> own
[1] girl boy  boy  girl girl boy  boy  boy
Levels: boy girl
> table(own)
own
 boy girl
   5    3
```

```
> table(Fpet,own)
        own
Fpet     boy girl
  cat      1    3
  dog      2    0
  parrot   1    0
  snake    1    0
```

Si solo estamos interesados en las frecuencias marginales se usa la función `margin.table(table,dimension)`:

```
> t<-table(Fpet,own)
> margin.table(t,1)
Fpet
   cat    dog parrot  snake
     4      2      1      1
> margin.table(t,2)
own
 boy girl
   5    3
```

y si estamos interesados en las frecuencias relativas usamos `prop.table(table,dimension)`:

```
> prop.table(t,1)
        own
Fpet      boy girl
  cat    0.25 0.75
  dog    1.00 0.00
  parrot 1.00 0.00
  snake  1.00 0.00
> prop.table(t,2)
        own
Fpet     boy girl
  cat    0.2  1.0
  dog    0.4  0.0
```

```
  parrot 0.2  0.0
  snake  0.2  0.0
```

El orden de los niveles puede establecerse usando el argumento `levels` de la función `factor()`:

```
> x <- factor(c("yes", "yes", "no", "yes", "no"),
+ levels = c("yes", "no"))
> x
[1] yes yes no  yes no
Levels: yes no
```

5. Secuencias

R proporciona diferentes funciones para generar secuencias. Por ejemplo, podemos generar secuencias numéricas de la siguiente forma:

```
> x<-1:15
> x
[1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15
> y<-5:1
> y
[1] 5 4 3 2 1
```

La función `seq()` puede generar secuencias de números reales:

```
> seq(1, 5, 0.5)
[1] 1.0 1.5 2.0 2.5 3.0 3.5 4.0 4.5 5.0
```

donde el primer argumento indica el principio de la secuencia, el segundo el final y el tercero el incremento que se debe usar para generar la secuencia. También se puede usar:

```
> seq(length=9, from=1, to=5)
[1] 1.0 1.5 2.0 2.5 3.0 3.5 4.0 4.5 5.0
```

Otra función útil para generar secuencias con un cierto patrón es `rep()`:

```
> rep(5,5)
[1] 5 5 5 5 5
```

La función `gl()` permite generar secuencias que involucran factores. `gl(k,n)` genera una secuencia donde `k` es el número de niveles del factor y `n` el número de repeticiones de cada nivel:

```
> gl(2,4,labels=c("boy","girl"))
[1] boy  boy  boy  boy  girl girl girl girl
Levels: boy girl
```

También podemos generar secuencias aleatorias. Para ello R proporciona diferentes funciones con la forma general `rfunc(n, p1, p2,...)` donde `r` puede tomar los valores `d, p, q` para obtener la densidad de probabilidad, la densidad de probabilidad acumulada, el valor del quartil, respectivamente; `func` indica la distribución (`norm` para normal, `binom` para binomial, `beta` para beta, `unif` para uniforme, ...); `n` es el número de datos generado, y `p1, p2, ...` son valores que toman los parámetros de la distribución.

Distribution	rfunc
Gaussian (normal)	`rnorm(n, mean=0, sd=1)`
exponential	`rexp(n, rate=1)`
gamma	`rgamma(n, shape, scale=1)`
Poisson	`rpois(n, lambda)`
beta	`rbeta(n, shape1, shape2)`
binomial	`rbinom(n, size, prob)`
geom	`rgeom(n, prob)`
uniform	`runif(n, min=0, max=1)`

```
> runif(5)
[1] 0.9111758 0.4921438 0.3238787 0.4402546 0.1792024
> rnorm(10, mean=5, sd=1)
 [1] 4.481318  4.319482  4.105529  7.498646  5.668317
4.046477  6.629298  4.627495  6.276711  4.497717
```

6. Matrices y Arrays

Una matriz es realmente un vector con un atributo adicional (`dim`) el cual a su vez es un vector numérico de longitud 2, que define el número de filas y columnas de la matriz.

`matrix(data, nrow, ncol, byrow, dimnames)`

donde `byrow` indica si los valores deben llenar la matriz por columnas (TRUE) o filas (FALSE), y `dimnames` permite poner nombre a las filas y columnas.

```
> matrix(1:6, 2, 3, byrow=TRUE)
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    2    3
[2,]    4    5    6
```

Las matrices pueden crearse a partir de vectores dando los valores apropiados al atributo `dim`:

```
> x<-1:10
> x
[1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10
> dim(x) <- c(2, 5)
> x
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    1    3    5    7    9
[2,]    2    4    6    8   10
```

También podemos construir matrices uniendo vectores o matrices por filas (`rbind`) o columnas (`cbind`):

```
> x<-1:3
> y<-10:12
> cbind(x,y)
     x  y
[1,] 1 10
[2,] 2 11
[3,] 3 12
> rbind(x,y)
  [,1] [,2] [,3]
x    1    2    3
y   10   11   12
```

Observa que en las matrices se usa la notación de índices usual `(i,j)`. No es necesario especificar los dos índices:

```
x<-matrix(1:4,2,2)
> x[1,2]
[1] 3
> x[1,]
[1] 1 3
> x[,2]
[1] 3 4
```

Un array es una generalización multidimensional de las matrices. Si los datos no son suficientes para llenar todas las dimensiones, éstos se replican:

```
> a<-array(1:10,c(3,2,2))
> a
, , 1
     [,1] [,2]
[1,]    1    4
[2,]    2    5
[3,]    3    6

, , 2
     [,1] [,2]
```

```
[1,]    7   10
[2,]    8    1
[3,]    9    2
```

7. Listas

Las listas son un tipo especial de vectores que contienen elementos de diferentes clases.

```
> animal <-list(orden='carnivoros',familia='felinos',
+ nombre='lince')
> animal
$orden
[1] "carnivoros"
$familia
[1] "felinos"
$nombre
[1] "lince"
```

Podemos extraer los elementos de una lista usando el siguiente esquema de indexado:

```
> animal[[1]]
[1] "carnivoros"
```

Observa que hemos usado dobles corchetes para acceder al elemento. Si usamos corchetes simples obtenemos un resultado diferente:

```
> animal[1]
$orden
[1] "carnivoros"
```

`animal[1]` extrae una sublista formada por la primera componente de `animal`, mientras que `animal[[1]]` extrae el valor de esa primera componente. También podemos acceder a los valores usando el nombre de la componente

nombre.lista$nombre.componente

```
> animal$orden
[1] "carnivoros"
```

7.1. Funciones sobre Listas

- Podemos extender las listas añadiendo más componentes con la función `c()`:

```
> animal$clase<-c('vertebrado','mamifero')
> animal
$orden
[1] "carnivoros"
$familia
[1] "felinos"
$nombre
[1] "lince"
$clase
[1] "vertebrado" "mamifero"
```

- Para convertir una lista en un vector utilizamos la función `unlist(x, recursive=TRUE, use.names=TRUE)`

```
> unlist(animal)
 orden     familia   nombre   clase1     clase2
"carnivoros""felinos""lince""vertebrado""mamifero"
```

- Para aplicar una función a todas las componentes de una lista tenemos la función `lapply(x, fun, ...)`, donde `x` es una lista (si no lo es hace coerción internamente), `fun` es el nombre de una función y ... son otros argumentos. `lapply` siempre devuelve una lista.

```
> lapply(animal,length)
$orden
[1] 1
$familia
[1] 1
$nombre
[1] 1
$clase
[1] 2
```

- Para aplicar una función a todas las componentes de una lista y simplificar el resultado en una estructura de vector (si el resultado es una lista cuyos elementos son todos de longitud 1) o de matriz (si el resultado es una lista cuyos elementos son vectores de la misma longitud > 1), tenemos la función `sapply(x, fun, ...)`

```
> sapply(animal,length)
  orden familia  nombre   clase
      1       1       1       2
```

```
> x <- list(a = 1:4, b = rnorm(10),
+ c = rnorm(20, 1), d = rnorm(100, 5))
> lapply(x, mean)
$a
[1] 2.5
$b
[1] -0.06742888
$c
[1] 1.182268
$d
[1] 5.039349

> sapply(x, mean)
          a           b           c           d
 2.50000000 -0.06742888  1.18226849  5.03934889
```

8. Data frame

Data frames es la estructura de datos más adecuada para almacenar tablas de datos. Son similares a las matrices (ya que son bidimensionales) pero a diferencia de éstas pueden almacenar datos de diferentes tipos. Cada fila en un data frame representa un caso, observación o ejemplo, y las columnas, los atributos. Por ejemplo, podemos crear un data frame como sigue:

```
> d<-data.frame(nombre=c('Ana','Pepe','Manolo','Rosa','
+ Maria'),edad=c(21,34,54,27,41))
```

```
> d
  name age
1    Ana   21
2   Pepe   34
3 Manolo   54
4   Rosa   27
5  Maria   41
```

Vamos a añadir una columna "ciudad" a la tabla. La única restricción es que la columna tenga el mismo número de filas que la tabla a la que se le añade:

```
> ciudad<-c('Valencia','Barcelona','Madrid','Valencia',
+ 'Valencia')
>trabajo<-c('estudiante','comerciante','ingeniero',
+''medico',periodista')
> d2<-cbind(ciudad,trabajo,d)
> d2
     ciudad     trabajo nombre edad
1  Valencia  estudiante    Ana   21
2 Barcelona comerciante   Pepe   34
3    Madrid   ingeniero Manolo   54
4  Valencia      medico   Rosa   27
5  Valencia   perodista  Maria   41
```

Podemos acceder a los valores almacenados en filas o columnas, e incluso seleccionar datos que satisfacen ciertas condiciones. Por ejemplo, podemos consultar los valores del atributo "ciudad":

```
> d2$ciudad
[1] Valencia  Barcelona Madrid    Valencia  Valencia
Levels: Barcelona Madrid Valencia
```

Observa que al ser valores nominales, R lo ha convertido en un factor. Como en las listas, los dobles corchetes sirven para extraer los valores de un data frame mientras que los corchetes simples sirven para extraer elementos:

```
> d2[[1]]
[1] Valencia  Barcelona Madrid    Valencia  Valencia
Levels: Barcelona Madrid Valencia
> d2[1]
     ciudad
1  Valencia
2 Barcelona
3    Madrid
4  Valencia
5  Valencia
```

Adicionalmente, también podemos seleccionar los nombres y edad de aquellas personas que viven en "Valencia"

```
> d2[d2$ciudad=='Valencia',c("nombre","edad")]
  nombre edad
1    Ana   21
4   Rosa   27
5  Maria   41
```

o seleccionar aquellas personas cuya edad es mayor de 35 años:

```
> d2[d2$edad>35,]
    ciudad nombre edad
3   Madrid Manolo   54
5 Valencia  Maria   41
```

8.1. Selección y transformación

- Para seleccionar un subconjunto de elementos de la tabla podemos usar la función `subset()`:

```
> subset(d2,ciudad=='Valencia',trabajo:edad)
     trabajo nombre edad
```

```
1 estudiante     Ana    21
4      medico    Rosa    27
5   perodista   Maria    41
```

- Las funciones `ncol(), nrow()` nos indican las filas y columnas de un data frame (o un array o matriz):

```
> nrow(d2)
[1] 5
> ncol(d2)
[1] 4
```

- Para transformar unas determinadas columnas o crear nuevas variables, utilizamos la función `transform()` con la que creamos otro data.frame con las características deseadas:

```
> d3<-transform(d, edad=-edad)
> d3
  nombre edad
1    Ana  -21
2   Pepe  -34
3 Manolo  -54
4   Rosa  -27
5  Maria  -41
```

9. Nombres

Podemos asignar o cambiar los nombres de las componentes de un vector, lista, matriz o data frame con la función `names()`:

```
> x <- 1:3
> names(x)
NULL
```

```
> names(x) <- c("first", "second", "third")
> x
 first second  third
     1      2      3
> names(x)
[1] "first"  "second" "third"
```

10. Valores Faltantes

Cuando un dato no está disponible se representa como `NA` (*not available*) independientemente del tipo del dato. Asimismo, `NAN` indica que un objeto numérico no es un número (*not a number*). `is.na()` e `is.nan()` se usan para comprobar si un objeto es `NA` o `NAN` respectivamente:

```
> t<-c(T,F,NA,FALSE)
> is.na(t)
[1] FALSE FALSE  TRUE FALSE
> is.nan(t)
[1] FALSE FALSE FALSE FALSE
> is.nan(0/0)
[1] TRUE
```

Una tarea habitual es la de eliminar los valores faltantes:

```
> x<- c(1, 2, NA, 4, NA, 5)
> bad <- is.na(x)
> x[!bad]
[1] 1 2 4 5
```

En el siguiente ejemplo, eliminamos los valores faltantes de varios vectores a la vez:

```
> x <- c(1, 2, NA, 4, NA, 5)
>y<-c("a",NA,NA,"d","e","f")
```

```
> good <- complete.cases(x, y)
> good
[1] TRUE FALSE FALSE TRUE FALSE TRUE
> x[good]
[1] 1 4 5
> y[good]
[1] "a" "d" "f"
```

11. Ordenar datos

La función `sort()` es la encargada de ordenar, de forma ascendiente, los números o los caracteres alfanuméricos. La ordenación utiliza el orden ASCII, por lo tanto los números van antes que las letras mayúsculas y por último las minúsculas:

```
> x<-c("auu","1uu","Auu")
> sort(x)
[1] "1uu" "Auu" "auu"
```

Otras funciones de ordenación son:

- `order()`: devuelve los índices del vector ordenado.
- `unique()`: devuelve los valores diferentes en un vector (eliminando duplicados).
- `duplicated()`: determina qué valores están duplicados en un vector y devuelve un vector lógico.

12. Cargando datos en R

Desde un fichero de texto podemos cargar datos tabulados usando las funciones `read.table()` y `read.csv()`:

- Si el archivo de texto cumple las siguientes condiciones, podemos cargarlo directamente con la función `read.table()` (usando los valores de sus atributos por defecto):
  - La primera línea del archivo debe contener el nombre de cada atributo.

- En cada una de las líneas siguientes, el primer elemento es la etiqueta de la fila, y a continuación deben aparecer los valores de cada atributo.
- Los valores están separados por el caracter " ".

Si el archivo tiene un elemento menos en la primera línea que en las restantes, obligatoriamente será el esquema anterior el que se utilice. Predeterminadamente, los elementos numéricos (excepto las etiquetas de las filas) se almacenan como variables numéricas; y los no numéricos como factores. El caracter usado para indicar comentarios se asume que es el # y que las columnas están separadas por un espacio. Todo ello se puede cambiar usando los siguientes atributos:

- `file`: el nombre del fichero conteniendo los datos.
- `header`: valor lógico que indica si existe la primera fila de cabecera.
- `sep`: una cadena que indica cómo están separadas las columnas.
- `colClasses`: un vector caracter que indica la clase de cada columna.
- `nrows`: número de filas en el dataset.
- `comment.char`: una cadena que indica el caracter usado para los comentarios (poner igual a "" si el fichero no contiene líneas comentadas).
- `skip`: número de líneas a contar desde el principio del fichero que se deben saltar.
- `stringsAsFactors`: TRUE si las variables de tipo caracter deben codificarse como factores.

- `read.csv()` es como la función anterior salvo que las columnas están separadas por comas.

Consulta la ayuda o un manual de R para mas funciones sobre la carga de datos y la escritura en un fichero.

13. Gráficas en R

R proporciona una extensa bateria de utilidades gráficas estándard así como para que el usuario se construya otras a su medida. Para ver una demostración de gráficos en colores ejecutar `> demo(graphics)`.

Todas estas facilidades podemos encontrarlas en los siguientes paquetes:

- `graphics`: contiene las funciones gráficas básicas.

- `lattice`: para producir gráficos Trellis, en los que podemos mostrar las relaciones entre variables.
- `grid`: el paquete `lattice` se construye sobre el `grid`, pero podemos invocar funciones de `grid` directamente.

Cuando tenemos que hacer una gráfica, tenemos que tener en cuenta:

- ¿En qué tipo de dispositivo o soporte vamos a mostrar el gráfico?. Si vamos a visualizarlo por pantalla, los dispositivos por defecto son: `x11` para Unix/Linus, `windows` para Windows y `quartz` para MAC OS X. Si vamos a insertar la gráfica en un documento (por ejemplo en pdf), entonces el dispositivo es un fichero.

  Para abrir un nuevo dispositivo gráfico se usan los siguientes comandos: `x11()` (para Unix/Linux/Windows), `quartz()` (para MAC OS X), y para los dispositivos que son archivos depende del tipo de archivo que se quiere crear: `postscript(), pdf(), png()`, ... La función `dev.list()` muestra la lista de dispositivos gráficos abiertos (observa que los dispositivos aparecen numerados, pudiendo usar este número para referirnos a ellos); la función `dev.cur()` nos indica cuál es el dispositivo actual; la función `dev.set(n)` cambia el dispositivo actual a aquel cuyo número es `n`; la función `dev.off()` cierra el dispositivo (por defecto se cierra el dispositivo activo, de lo contrario el correspondiente al número pasado en la función).

  Otra forma alternativa de proceder es usar como dispositivo la pantalla (default) y luego copiar el gráfico en otro dispositivo. Las funciones más habituales son

  - `dev.copy`: copia el gráfico en otro dispositivo (con el atributo `which=n` indicamos que queremos copiar el gráfico al dispositivo cuyo número es `n`.
  - `dev.copy2pdf`: copia el gráfico en un fichero con formato pdf; usando el atributo `file="name.pdf"` creará en el directorio de trabajo un fichero de nombre `name.pdf` con el gráfico.
  - `dev.copy2eps`: copia el gráfico en un fichero con formato eps.
- ¿Cuántos puntos vamos a representar? Dependiendo de la respuesta es posible que necesitemos reescalar el gráfico.
- ¿Qué sistema gráfico necesitamos? De esta forma sabremos si necesitamos instalar antes algún paquete, o de qué manera podemos determinar los diferentes aspectos del gráfico. Así, si el gráfico es básico, podemos ir determinando los parámetros (título, leyenda, etc) usando funciones separadas, pero los gráficos de tipo lattice o grid, se definen con una única función por lo que todos los parámetros se especifican a la vez.

Las funciones gráficas en R se organizan en: de alto nivel, de bajo nivel e interactivas. Aquí solo vamos a resumir las dos primeras. Consultar la ayuda de R para más información. Adicionalmente, Rstudio proporciona numerosas facilidades para el manejo de gráficas así como para salvar las gráficas en formato pdf.

13.1. Gráficos de alto nivel

La siguiente tabla resume algunas de las funciones gráficas de R.

`plot(x)`	muestra los valores de `x` (en el eje y) ordenados en el eje x
`plot(x,y)`	muestra los valores de `x` (en el eje x) e `y` (en el eje y)
`pie(x)`	muestra los valores de `x` en un gráfico circular
`boxplot(x)`	muestra los valores de `x` en un gráfico tipo *box-and-whiskers*
`barplot(x)`	muestra un histograma de los valores de `x`
`hist(x)`	muestra un histograma de las frecuencias de `x`

Algunos atributos (presentes en varias de las funciones gráficas de la tabla anterior) son:

Atributo	Descripción
`add=`	si es `TRUE` superpone el gráfico en el ya existente. Valor por defecto `FALSE`.
`axes=`	si es `FALSE` no dibuja los ejes ni la caja del gráfico. Valor por defecto `TRUE`.
`type=`	tipo de gráfico: `''p''` puntos (valor por defecto). `''l''` líneas. `''b''` puntos conectados por líneas. `''o''` puntos conectados por líneas cubriéndolos. `''h''` líneas verticales. `''s''` escaleras, los datos en la parte superior de las líneas verticales. `''S''` escaleras, los datos en la parte inferior de las líneas verticales.
`xlim=, ylim=`	límites inferiores y superiores de los ejes.
`xlab=, ylab=`	títulos en los ejes; deben ser variables de tipo caracter.
`main=`	título principal; debe ser de tipo caracter.
`sub=`	sub-título (escrito en una letra más pequeña).

13.2. Gráficos de bajo nivel

En R los elementos gráficos de bajo nivel no producen una nueva gráfica, sino que añaden elementos a una gráfica ya existente. Los más habituales

son:

`lines`	añade líneas a un plot conectando los puntos por líneas.
`points`	añade puntos.
`text`	añade un texto en las coordenadas indicadas.
`title`	añade título a los ejes, o a todo el gráfico (incluyendo subtítulo).
`mtext`	añade texto en los márgenes de la gráfica.
`axis`	añade ejes a un dibujo. Los ejes se disponen usando como argumento: 1=below, 2=left, 3=above y 4=right.

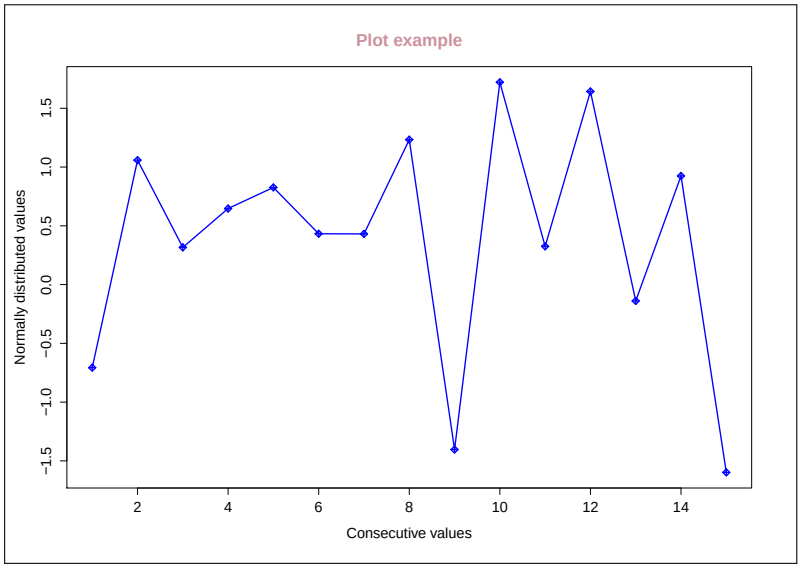
13.3. Otros parámetros

La función `par()` se usa para establecer algunos parámetros gráficos globales que afectarán a todos los gráficos que hagamos durante una sesión de R. Muchos de estos parámetros también pueden especificarse como argumentos de elementos gráficos de alto nivel, en cuyo caso solo afectarán al gráfico en cuestión. Los parámetros más habituales son:

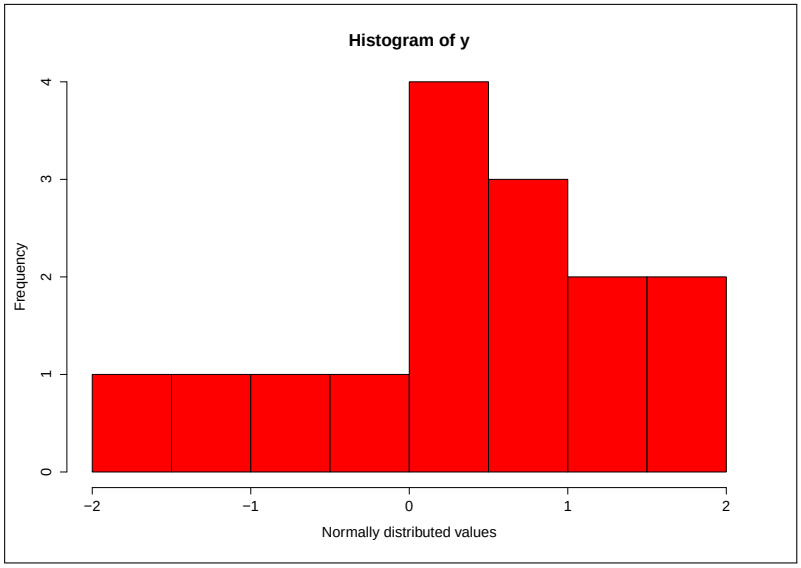
`pch`	Carácter empleado para dibujar los puntos.
`lty`	Tipo de línea. Puede especificarse: por números:1=sólida, 2=guiones, 3=puntos,4=punto-guión por caracter: “solid”, “dashed”, “dotted”, “dotdashed”
`lwd`	Grosor de las líneas (númerico, por defecto 1).
`col`	Color en líneas de ejes, lines() y texto. Se puede espedificar como número, string o código hex (ver `colors()`).
`bg`	Color del fondo del gráfico.

13.4. Ejemplos

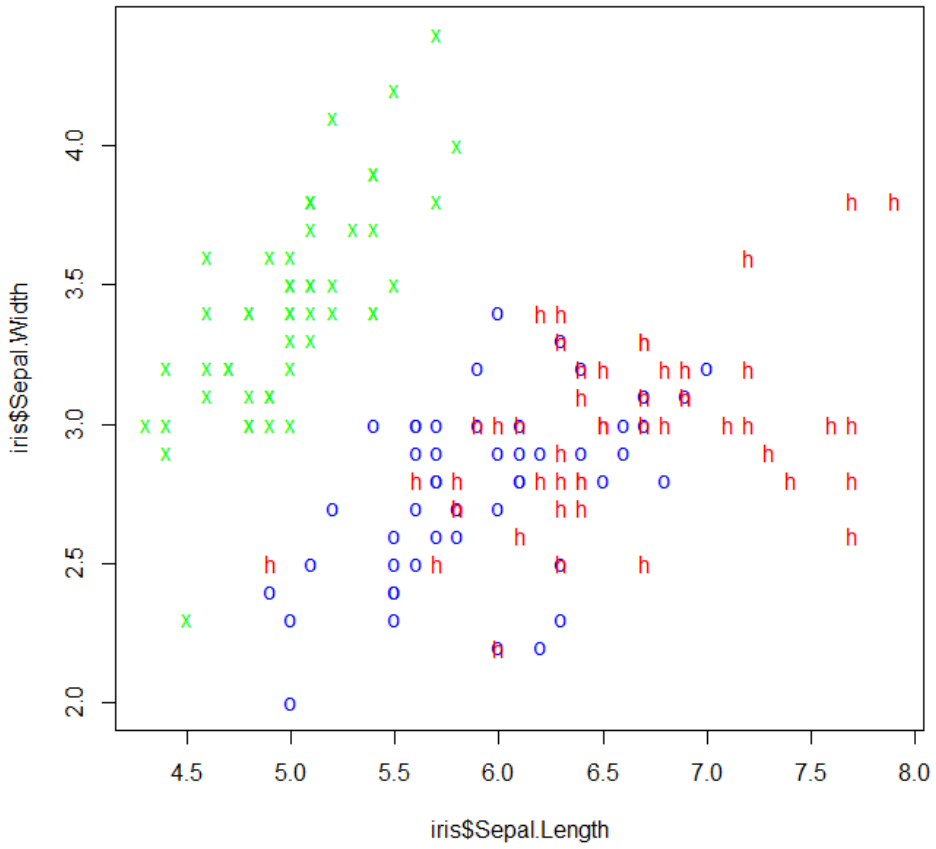
En esta sección mostramos ejemplos de tres tipos de gráficos usando diferentes parámetros. Se incluye el código, así como el gráfico generado.



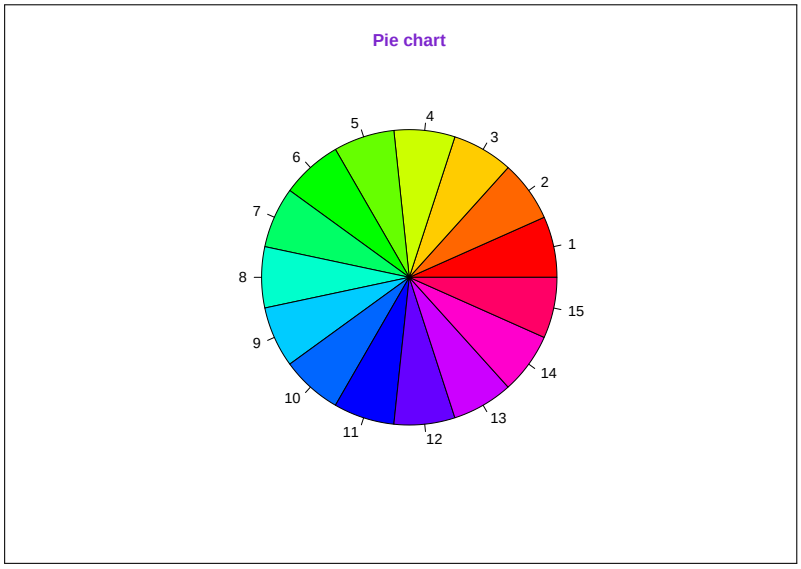

```
>x<-1:15
> y<-rnorm(15)
> plot(x,y,type="o",pch=9,col="blue",lwd=2,xlab=
+"Números consecutivos",ylab="Números normalmente
+ distribuidos")
> title("Ejemplo de Plot",col.main="pink3")
```



```
> hist(y,col="red",xlab="Números según una normal",
+ ylab="Frecuencia")
```




```
> data(iris)
> plot(x=iris$Sepal.Length,y=iris$Sepal.Width,col=c("green","blue","red")[iris
$Species],pch=c("x","o","h")[iris$Species])
```




```
> z<-rep(1,15)
> pie(z,col=rainbow(15))
> title("Ejemplo gráfico tipo pie",col.main="purple3")
```

14. Estructuras de Control

En R se usan las llaves {} para agrupar expresiones. Las estructuras de control más comunes son:

- `if, else`: condicional

```
if(<condition>) {
       ## do something
} else {
          ## do something else
}
if(<condition1>) {
           ## do something
} else if(<condition2>) {
           ## do something different
} else {
            ## do something different
}
```

La parte `else` es opcional.

- Bucles
  - `for`: ejecuta un bucle un número determinado de veces. Para ello usa una variable (el *iterador*) y le va asignando valores sucesivos desde una secuencia o un vector con la siguiente sintaxis: `for (name in values) expresión`

```
> for(i in 1:10) print(i)
[1] 1
[1] 2
[1] 3
[1] 4
[1] 5
[1] 6
[1] 7
[1] 8
[1] 9
[1] 10
```

  - `while`: ejecuta un bucle mientras una condición es cierta. La condición se comprueba primero y si es cierta entonces se ejecuta el cuerpo del bucle, se vuelve a comprobar la condición y así sucesivamente.

```
> count <- 0
> while(count < 10) {
+ print(count)
+ count <- count + 1
+ }
[1] 0
[1] 1
[1] 2
[1] 3
[1] 4
[1] 5
[1] 6
[1] 7
[1] 8
[1] 9
```

- `repeat`: ejecuta un bucle infinitamente. La única forma de salir del bucle es llamando a `break`.
- `break`: termina la ejecución de un bucle.
- `next`: salta una iteración de un bucle.
- `return`: sale de una función.

```
>count<-0
> repeat{
+        count<-count+1
+        if (count%%2==0){
+                next
+        } else {
+                print(count)
+                }
+        if (count>=9) {break}
+        }
[1] 1
[1] 3
[1] 5
[1] 7
[1] 9
```

Muchas de estas estructuras de control no se usan en las sesiones interactivas sino al escribir funciones.

15. Creando funciones

Las funciones en R se crean con la siguiente directiva:
`function(<arguments>) {## Do something interesting}`.

En R las funciones son objetos de primera clase (pueden pasarse como argumentos de otras funciones y pueden ser anidadas), podemos aplicarlas parcialmente, se evalúan de forma perezosa,....

Podemos escribir una función directamente en la consola o usando el editor. En este último caso, podemos copiarla y pegarla en la consola o, si la hemos guardado en un fichero, podemos cargar el fichero con `source()`, como cualquier otro programa.

Podemos consultar los argumentos de una función con `args(name)`:

```
> args(paste)
function (..., sep = " ", collapse = NULL)
NULL
```

Observa el argumento `...`. Este argumento se usa en R para denotar un número variable de argumentos (por ejemplo, indicando que no queremos modificar sus valores por defecto, o cuando extendemos una función). En este caso `paste` es una función que permite al usuario concatenar cualquier número de cadenas, o incluso combinar vectores, como se muestra en el siguiente ejemplo:

```
> paste(c('a','b','c'),c(1,2),sep=":")
[1] "a:1" "b:2" "c:1"
>
> paste(c('a','b','c'),c(1,2))
[1] "a 1" "b 2" "c 1"
```

Un ejemplo de redefinición de funciones. Supongamos que queremos concatenar siempre solo dos vectores y con el caracter separador `":"`. Para ellos podríamos definirnos una nueva función a partir de la función predefinida `paste()`:

```
> myfunction<-function(x,y){paste(x,y,sep=":",...)}
myfunction(c('a','b','c'),c(1,2))
[1] "a:1" "b:2" "c:1"
```

Y si quisieramos hacer lo mismo pero para un número variable de vectores:

```
> otherfunction<-function(...){paste(...,sep=":")}
> otherfunction(c('a','b','c'),c(1,2),rep('AB',4))
[1] "a:1:AB" "b:2:AB" "c:1:AB" "a:2:AB"
```