Tema 3 - Estructuras de datos

Juan Gabriel Gomila & María Santos



Tipos de datos en R

Un **vector** es una secuencia ordenada de datos. R dispone de muchos tipos de datos, por ejemplo:

▶ logical: lógicos (TRUE o FALSE)

ightharpoonup integer: números enteros, ${\mathbb Z}$

ightharpoonup numeric: números reales, $\mathbb R$

complex: números complejos, C

character: palabras

En los vectores de R, todos sus objetos han de ser del mismo tipo: todos números, todos palabras, etc. Cuando queramos usar vectores formados por objetos de diferentes tipos, tendremos que usar **listas generalizadas**, lists que veremos al final del tema.

Básico

- c(): para definir un vector
- scan(): para definir un vector
- fix(x): para modificar visualmente el vector x
- rep(a,n): para definir un vector constante que contiene el dato a repetido n veces

```
c(1,2,3)
```

```
[1] 1 2 3
```

```
rep("Mates",7)
```

[1] "Mates" "Mates" "Mates" "Mates" "Mates" "Mates" "Mates"

Función scan()

Ejemplo

Vamos a crear un vector que contenga 3 copias de 1 9 9 8 0 7 2 6 con la función scan:

```
> scan()
1: 1 9 9 8 0 7 2 6
9: 1 9 9 8 0 7 2 6
17: 1 9 9 8 0 7 2 6
25:
Read 24 items
[1] 1 9 9 8 0 7 2 6 1 9 9 8 0 7 2 6 1 9 9 8 0 7 2 6
>
```

Básico

Ejercicio

- 1. Repite tu año de nacimiento 10 veces
- 2. Crea el vector que tenga como entradas 16,0,1,20,1,7,88,5,1,9, llámalo vec y modifica la cuarta entrada con la función fix()



Progresiones y Secuencias

Una progresión aritmética es una sucesión de números tales que la **diferencia**, *d*, de cualquier par de términos sucesivos de la secuencia es constante.

$$a_n = a_1 + (n-1) \cdot d$$

- seq(a,b,by=d): para generar una progresión aritmética de diferencia d que empieza en a hasta llegar a b
- ▶ seq(a,b, length.out=n): define progresión aritmética de longitud n que va de a a b con diferencia d. Por tanto d = (b-a)/(n-1)
- seq(a,by=d, length.out=n): define la progresión aritmética de longitud n y diferencia d que empieza en a
- ▶ a:b: define la secuencia de números **enteros** (\mathbb{Z}) consecutivos entre dos números a y b

Secuencias

Ejercicio

- ▶ Imprimid los números del 1 al 20
- Imprimid los 20 primeros números pares
- ► Imprimid 30 números equidistantes entre el 17 y el 98, mostrando solo 4 cifras significativas



Cuando queremos aplicar una función a cada uno de los elementos de un vector de datos, la función sapply nos ahorra tener que programar con bucles en R:

- sapply(nombre_de_vector,FUN=nombre_de_función): para aplicar dicha función a todos los elementos del vector
- sqrt(x): calcula un nuevo vector con las raíces cuadradas de cada uno de los elementos del vector x

Dado un vector de datos x podemos calcular muchas medidas estadísticas acerca del mismo:

- length(x): calcula la longitud del vector x
- ▶ max(x): calcula el máximo del vector x
- min(x): calcula el mínimo del vector x
- sum(x): calcula la suma de las entradas del vector x
- prod(x): calcula el producto de las entradas del vector x

- mean(x): calcula la media aritmética de las entradas del vector x
- diff(x): calcula el vector formado por las diferencias sucesivas entre entradas del vector original x
- cumsum(x): calcula el vector formado por las sumas acumuladas de las entradas del vector original x
 - Permite definir sucesiones descritas mediante sumatorios
 - Cada entrada de cumsum(x) es la suma de las entradas de x hasta su posición

[1] 1 3 6 10 15 21

```
cuadrado = function(x) {x^2}
v = c(1,2,3,4,5,6)
sapply(v, FUN = cuadrado)

[1] 1 4 9 16 25 36

mean(v)

[1] 3.5
cumsum(v)
```

Orden

- sort(x): ordena el vector en orden natural de los objetos que lo forman: el orden numérico creciente, orden alfabético...
- rev(x): invierte el orden de los elementos del vector x

```
v = c(1,7,5,2,4,6,3)
sort(v)
```

```
[1] 1 2 3 4 5 6 7
rev(v)
```

[1] 3 6 4 2 5 7 1

Orden

Ejercicio

- Combinad las dos funciones anteriores, sort y rev para crear una función que dado un vector x os lo devuelva ordenado en orden decreciente.
- Razonad si aplicar primero sort y luego rev a un vector x daría en general el mismo resultado que aplicar primero rev y luego sort.
- Investigad la documentación de la función sort (recordad que podéis usar la sintaxis ?sort en la consola) para leer si cambiando algún argumento de la misma podéis obtener el mismo resultado que habéis programado en el primer ejercicio.

Subvectores

- vector[i]: da la i-ésima entrada del vector
 - Los índices en R empiezan en 1
 - vector[length(vector)]: nos da la última entrada del vector
 - vector[a:b]: si a y b son dos números naturales, nos da el subvector con las entradas del vector original que van de la posición a-ésima hasta la b-ésima.
 - vector [-i]: si i es un número, este subvector está formado por todas las entradas del vector original menos la entrada i-ésima. Si i resulta ser un vector, entonces es un vector de índices y crea un nuevo vector con las entradas del vector original, cuyos índices pertenecen a i
 - vector[-x]: si x es un vector (de índices), entonces este es el complementario de vector[x]

Subvectores

► También podemos utilizar operadores lógicos:

```
> ==: =
```

- ► !: NO lógico
- ▶ &: Y lógico
- ► |: O lógico

Subvectores

```
v = c(14,5,6,19,32,0,8)
v[2]
[1] 5
v[-c(3,5)]
[1] 14 5 19 0 8
v[v != 19 \& v>15]
[1] 32
```

Condicionales

- which(x cumple condición): para obtener los índices de las entradas del vector x que satisfacen la condición dada
- which.min(x): nos da la primera posición en la que el vector x toma su valor mínimo
- which(x==min(x)): da todas las posiciones en las que el vector x toma sus valores mínimos
- which.max(x): nos da la primera posición en la que el vector x toma su valor máximo
- which(x==max(x)): da todas las posiciones en las que el vector x toma sus valores máximos

Factores

Factor

Factor: es como un vector, pero con una estructura interna más rica que permite usarlo para clasificar observaciones

- ▶ levels: atributo del factor. Cada elemento del factor es igual a un nivel. Los niveles clasifican las entradas del factor. Se ordenan por orden alfabético
- Para definir un factor, primero hemos de definir un vector y trasformarlo por medio de una de las funciones factor() o as.factor().

La función factor()

- factor(vector,levels=...): define un factor a partir del vector y dispone de algunos parámetros que permiten modificar el factor que se crea:
 - ▶ levels: permite especificar los niveles e incluso añadir niveles que no aparecen en el vector
 - labels: permite cambiar los nombres de los niveles
- levels(factor): para obtener los niveles del factor

Factor ordenado

Factor ordenado. Es un factor donde los niveles siguen un orden

ordered(vector,levels=...): función que define un factor ordenado y tiene los mismos parámetros que factor

Factores y factores ordenados

levels = c(1,2,3,4), labels = c("Sus","Apr","Not","F
facOrd

[1] Sus Sus Sus Apr Apr Not Apr Exc Sus Not Not Exc Apr Not Levels: Sus < Apr < Not < Exc

Lists

List

List. Lista formada por diferentes objetos, no necesariamente del mismo tipo, cada cual con un nombre interno

- ▶ list(...): función que crea una list
 - Para obtener una componente concreta usamos la instrucción list\$componente
 - También podemos indicar el objeto por su posición usando dobles corchetes: list[[i]]. Lo que obtendremos es una list formada por esa única componente, no el objeto que forma la componente

Obtener información de una list

- str(list): para conocer la estructura interna de una list
- names(list): para saber los nombres de la list

Obtener información de una list

```
x = c(1,-2,3,4,-5,6,7,-8,-9,0)
miLista = list(nombre = "X", vector = x, media = mean(x),
miLista
$nombre
[1] "X"
$vector
 [1] 1 -2 3 4 -5 6 7 -8 -9 0
$media
[1] -0.3
$sumas
 [1] 1 -1 2 6 1 7 14 6 -3 -3
```

Obtener información de una list

```
str(miLista)

List of 4
   $ nombre: chr "X"
   $ vector: num [1:10] 1 -2 3 4 -5 6 7 -8 -9 0
   $ media : num -0.3
   $ sumas : num [1:10] 1 -1 2 6 1 7 14 6 -3 -3

names(miLista)
```

[1] "nombre" "vector" "media" "sumas"

Matrices

Cómo definirlas

- matrix(vector, nrow=n, byrow=valor_lógico): para definir una matriz de n filas formada por las entradas del vector
 - nrow: número de filas
 - byrow: si se iguala a TRUE, la matriz se construye por filas; si se iguala a FALSE (valor por defecto), se construye por columnas. -ncol: número de columnas (puede usarse en lugar de nrow)
 - ▶ R muestra las matrices indicando como [i,] la fila i-ésima y [, j] la columna j-ésima
 - Todas las entradas de una matriz han de ser del mismo tipo de datos

Cómo definirlas

Ejercicio

- ¿Cómo definirías una matriz constante? Es decir, ¿cómo definirías una matriz A tal que \forall i=1,...,n;j=1,...,m, $a_{i,j}=k$ siendo $k \in \mathbb{R}$? Como R no admite incógnitas, prueba para el caso específico n=3, m=5, k=0
- ightharpoonup Con el vector vec = (1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12) crea la matriz

$$\begin{pmatrix}
1 & 4 & 7 & 10 \\
2 & 5 & 8 & 11 \\
3 & 6 & 9 & 12
\end{pmatrix}$$

Cómo construirlas

- rbind(vector1, vector2, ...): construye la matriz de filas vector1, vector2,...
- cbind(vector1, vector2, ...): construye la matriz de columnas vector1, vector2,...
 - Los vectores han de tener la misma longitud
 - También sirve para añadir columnas (filas) a una matriz o concatenar por columnas (filas) matrices con el mismo número de filas (columnas)
- diag(vector): para construir una matriz diagonal con un vector dado
 - Si aplicamos diag a un número n, produce una matriz identidad de orden n

Submatrices

- ▶ matriz[i,j]: indica la entrada (i,j) de la matriz, siendo $i,j \in \mathbb{N}$. Si i y j son vectores de índices, estaremos definiendo la submatriz con las filas pertenecientes al vector i y columnas pertenecientes al vector j
- ▶ matriz[i,]: indica la fila *i*-ésima de la matriz, siendo $i \in \mathbb{N}$
- lacktriangle matriz[,j]: indica la columna j-ésima de la siendo $j\in\mathbb{N}$
 - Si i (j) es un vector de índices, estaremos definiendo la submatriz con las filas (columnas) pertenecientes al vector i (j)

- diag(matriz): para obtener la diagonal de la matriz
- nrow(matriz): nos devuelve el número de filas de la matriz
- ncol(matriz): nos devuelve el número de columnas de la matriz
- dim(matriz): nos devuelve las dimensiones de la matriz
- sum(matriz): obtenemos la suma de todas las entradas de la matriz
- prod(matriz): obtenemos el producto de todas las entradas de la matriz
- mean(matriz): obtenemos la media aritmética de todas las entradas de la matriz

- colSums(matriz): obtenemos las sumas por columnas de la matriz
- rowSums(matriz): obtenemos las sumas por filas de la matriz
- colMeans(matriz): obtenemos las medias aritméticas por columnas de la matriz
- rowMeans(matriz): obtenemos las medias aritméticas por filas de la matriz

Ejemplo

Dada la matriz

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 4 & 7 \\ 2 & 5 & 8 \\ 3 & 6 & 9 \end{pmatrix}$$

```
A = matrix(c(1,2,3,4,5,6,7,8,9), ncol = 3)
dim(A)
```

[1] 3 3

diag(A)

[1] 1 5 9

Función apply()

- apply(matriz, MARGIN=..., FUN=función): para aplicar otras funciones a las filas o las columnas de una matriz
 - MARGIN: ha de ser 1 si queremos aplicar la función por filas; 2 si queremos aplicarla por columnas; o c(1,2) si la queremos aplicar a cada entrada

Función apply()

```
apply(A, MARGIN = c(1,2), FUN = function(x){sqrt(x^2)})
    [,1] [,2] [,3]
[1,] 1 4 7
[2,] 2 5 8
[3,] 3 6 9
apply(A, MARGIN = 1, FUN = sum)
[1] 12 15 18
apply(A, MARGIN = 2, FUN = sum)
[1] 6 15 24
```

Operaciones

- t(matriz): para obtener la transpuesta de la matriz
- +: para sumar matrices
- *: para el producto de un escalar por una matriz
- %*%: para multiplicar matrices
- mtx.exp(matriz,n): para elevar la matriz a n
 - Del paquete Biodem
 - No calcula las potencias exactas, las aproxima
- %: para elevar matrices
 - Del paquete expm
 - No calcula las potencias exactas, las aproxima

Operaciones

Ejercicio

Observad qué ocurre si, siendo
$$A = \begin{pmatrix} 2 & 0 & 2 \\ 1 & 2 & 3 \\ 0 & 1 & 3 \end{pmatrix}$$
 y $B = \begin{pmatrix} 3 & 2 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \end{pmatrix}$, realizamos las operaciones $A * B$, A^2 y B^3



Operaciones

- det(matriz): para calcular el determinante de la matriz
- qr(matriz)\$rank: para calcular el rango de la matriz
- solve(matriz): para calcular la inversa de una matriz invertible
 - También sirve para resolver sistemas de ecuaciones lineales. Para ello introducimos solve(matriz,b), donde b es el vector de términos independientes

Vector propio y valor propio

- eigen(matriz): para calcular los valores (vaps) y vectores propios (veps)
 - eigen(matriz)\$values: nos da el vector con los vaps de la matriz en orden decreciente de su valor absoluto y repetidos tantas veces como su multiplicidad algebraica.
 - eigen(matriz)\$vectors: nos da una matriz cuyas columnas son los veps de la matriz.

[3,] 0.5345225 0.4082483

```
M = rbind(c(2,6,-8), c(0,6,-3), c(0,2,1))
eigen(M)
eigen() decomposition
$values
[1] 4 3 2
$vectors
         [,1] [,2] [,3]
[1,] 0.2672612 -0.8164966
[2,] 0.8017837 0.4082483
```

Ejercicio

Comprobad, con los datos del ejemplo anterior, que si P es la matriz de vectores propios de M en columna y D la matriz diagonal cuyas entradas son los valores propios de M, entoces se cumple la siguiente igualdad llamada **descomposición canónica**:

$$M = P \cdot D \cdot P^{-1}$$



Si hay algún vap con multiplicidad algebraica mayor que 1 (es decir, que aparece más de una vez), la función eigen() da tantos valores de este vap como su multiplicidad algebraica indica. Además, en este caso, R intenta que los veps asociados a cada uno de estos vaps sean linealmente independientes. Por tanto, cuando como resultado obtenemos veps repetidos asociados a un vap de multiplicidad algebraica mayor que 1, es porque para este vap no existen tantos veps linealmente independientes como su multiplicidad algebraica y, por consiguiente, la matriz no es diagonalizable.

```
M = matrix(c(0,1,0,-7,3,-1,16,-3,4), nrow=3, byrow=TRUE)
eigen(M)
eigen() decomposition
$values
[1] 3 2 2
$vectors
           [,1] [,2] [,3]
[1,] -0.1301889 -0.1825742 -0.1825742
[2,] -0.3905667 -0.3651484 -0.3651484
```

[3.] 0.9113224 0.9128709 0.9128709