Introducción a R Aplicaciones a la enseñanza de la Estadística

IV - Encuentro Colombiano de Educación Estocástica

Daniel Enrique González Gómez

2021-05-31

Base de datos

Una base de datos es un conjunto de datos pertenecientes a un mismo contexto y almacenados sistemáticamente para su posterior uso. Wikipedia

Una base de datos en estadística es un conjunto de información relacionada con una población organizada en filas y columnas. Las columnas corresponden a las variables y las filas están relacionadas con los individuos u objetos de estudio.

Existen repositorio de bases de datos para uso general

- dataset en RStudio
- Portal Bases de datos abiertos Colombia
- Datos Banco mundial
- Portal de Datos Abiertos de Esri España

^[*] Open Data Barometer: https://opendatabarometer.org/4thedition/report/?lang=es

Leer datos

- Data set R: bases de datos al interior de los paquetes de R
- Utilizando menu de RStudio, datos en DD en formato:
 - Excel
 - CSV
 - SPSS
 - SAS
 - Stata
- Utilizando funciones en linea de consula
- De forma automatica con paquete RSocrata

R Dataset

```
## [1] " Trees"

## [2] "uspop Populations Recorded by the US Census"

## [3] "volcano Topographic Information on Auckland's Maunga"

## [4] " Whau Volcano"

## [5] "warpbreaks The Number of Breaks in Yarn during Weaving"

## [6] "women Average Heights and Weights for American Women"
```

https://stat.ethz.ch/R-manual/R-devel/library/datasets/html/00Index.html

.footnote

R Dataset

3

4 ## 5

6

0.2 setosa

0.2 setosa

0.2 setosa

0.4 setosa

1.3

1.5

1.4

1.7

Datos de iris (de Fisher o Anderson)

4.7

4.6

5.0

5.4

- longitud y ancho del sépalo
- largo y ancho de pétalos
- especies: setosa, versicolor y virginica.

3.2

3.1

3.9

3.6

Base de datos estadísticos: arreglo de filas y columnas (matriz) donde por lo general las columnas representan las variables y las filas los registros de los objetos de estudio

Base de datos estudianes Probabilidad y Estadistica

Show [entries ✓				S	earch:		
	id ≑	idgrup 🖣	grupo 🛊	promacum 🖣	carrera	\$	matri	culada 🕈
1	4	4 A		3.75	Biología			1
2	6	6 A		3.47	Biología			1
3	9	9 A		4.05	Biología			1
4	10	10 A		3.9	Biología			1
5	11	11 A		3.55	Biología			1
6	12	12 A		4.63	Biología			1
Showir	ng 1 to 6 of 81 e	entries		Previous 1	2 3 4	5	14	Next

```
library(readr)
data=read_csv("data/spi_global_rankings_intl.csv")
DT::datatable(head(data,218),fillContainer = FALSE, options = list(pageLength = 6))
```

Show 6 V	entries						Se	arch: [
	rank 🖣	name	*	confed	\rightarrow		off †		def		spi 🛊
1	1	Spain	UE	FA			3.54		0.39		93.99
2	2	Brazil	CC	NMEBOL			3.04		0.32		92.22
3	3	Belgium	UE	FA			2.96		0.58		87.71
4	4	France	UE	FA			2.9		0.55		87.64
5	5	England	UE	FA			2.7		0.45		87.44
6	6	Argentina	CC	NMEBOL			2.54		0.42		86.59
Showing 1 to	o 6 of 218 en	tries		Previous	1 2	3	4	5	•••	37	Next

^[*]https://data.fivethirtyeight.com/#soccer-spi

Importar datos de manera automatica

La API de datos abiertos de Socrata le permite acceder mediante programación a una gran cantidad de recursos de datos abiertos de gobiernos, organizaciones sin fines de lucro y ONG de todo el mundo. Haga clic en el enlace de abajo y pruebe un ejemplo en vivo ahora mismo.

https://dev.socrata.com/

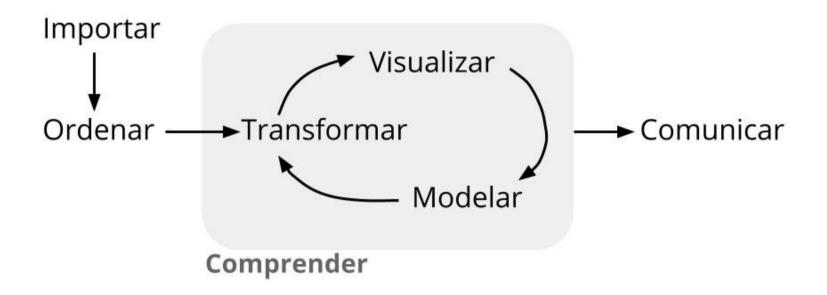
Cargar la base de datos de COVID-19 Colombia

```
# install.packages("RSocrata") # instal paquete RSocrata
library(RSocrata)
token = "ew2rEMuESuzWPqMkyPfOSGJgE"
Colombia= read.socrata("https://www.datos.gov.co/resource/gt2j-8ykr.json", app_token = token)
saveRDS(Colombia, "Colombia.RDS")
```

https://www.datos.gov.co/https://dev.socrata.com/foundry/www.datos.gov.co/gt2j-8ykr

^[*] Se requiere solicitar token en la página de los datos - RDS formato de R para almacenar cualquier objeto - se lee con readRDS

Etapas del proceso de datos



^[*] Imagen tomada de: https://bitsandbricks.github.io/ciencia_de_datos_gente_sociable/

Ordenar los datos

Es importante después de haber importado la base de datos, hacer una revisión de cada una de las variables con el fin de poder detectar:

- Datos faltantes (NA)
- Datos anómalos o raros
- Etiquetas mal colocadas (minúsculas, MAYÚSCULAS, Titulo...)

Arreglo de la base de datos

```
library(stringr)
Colombia$sexo=str_to_lower(Colombia$sexo)
Colombia$estado[Colombia$estado="N/A"]="NA"
Colombia$estado=str_to_lower(Colombia$estado)

Colombia$recuperado[Colombia$recuperado="N/A"]="NA"
Colombia$recuperado=str_to_lower(Colombia$recuperado)

Colombia$fuente_tipo_contagio[Colombia$fuente_tipo_contagio="N/A"]="NA"
Colombia$fuente_tipo_contagio=str_to_lower(Colombia$fuente_tipo_contagio)

Colombia$ubicacion[Colombia$ubicacion="N/A"]="NA"
Colombia$ubicacion=str_to_lower(Colombia$ubicacion)
```



Tablas de frecuencia

Ingeniería de Sistemas

Ingeniería Electrónica

6 Negocios Internacionales

Ingeniería Mecánica

3

4

5

```
table(bd0052$carrera)
##
##
                   Biología
                                    Ingeniería Civil
                                                       Ingeniería de Sistemas
                                                                                 Ingeniería Electrónica
##
                         23
                                                   41
        Ingeniería Mecánica Negocios Internacionales
###
###
data.frame(table(bd0052$carrera))
##
                         Var1 Freq
## 1
                     Biología
             Ingeniería Civil
## 2
```

```
t1=summarytools::freq(bd0052$carrera, cumul = FALSE, headings = FALSE)
t1
```

##				
##		Freq	% Valid	% Total
##				
##	Biología	23	28.40	28.40
##	Ingeniería Civil	41	50.62	50.62
##	Ingeniería de Sistemas	4	4.94	4.94
##	Ingeniería Electrónica	5	6.17	6.17
##	Ingeniería Mecánica	4	4.94	4.94
##	Negocios Internacionales	4	4.94	4.94
##	<na></na>	0		0.00
##	Total	81	100.00	100.00

```
library(agricolae)
h2=with(bd0052,graph.freq(promacum,plot=FALSE))
t2=table.freq(h2)
colnames(t2) = c(" LI ", " LS ", "marca clase", "Frec.Abs", "Frec.Rel", "Frec.Abs.Ac", "Frec.t2
```

##		LI	LS	marca	clase	Frec.Abs	Frec.Rel	Frec.Abs.Ac	Frec.Rel.Ac
## 1	1	3.30	3.53		3.415	16	20.0	16	20.0
## 2	2	3.53	3.76		3.645	21	26.2	37	46.2
## 3	3	3.76	3.99		3.875	11	13.8	48	60.0
## 4	4	3.99	4.22		4.105	19	23.8	67	83.8
## 5	5	4.22	4.45		4.335	7	8.8	74	92.5
## 6	5	4.45	4.68		4.565	4	5.0	78	97.5
## 7	7	4.68	4.91		4.795	2	2.5	80	100.0

summarytools::descr(mtcars\$mpg)

```
## Descriptive Statistics
## mtcars$mpg
## N: 32
##
##
                            mpg
##
##
                 Mean
                         20.09
##
              Std.Dev
                          6.03
                  Min
                         10.40
##
                         15.35
##
                   Q1
               Median
                         19.20
##
                   Q3
                         22.80
##
##
                  Max
                          33.90
                           5.41
##
                  MAD
##
                  IQR
                           7.38
                           0.30
##
                   CV
                           0.61
            Skewness
##
##
         SE.Skewness
                          0.41
                         -0.37
##
             Kurtosis
##
             N.Valid
                         32.00
           Pct.Valid
##
                        100.00
```

summarytools::descr(bd0052\$promacum)

##	Descriptive Statis	stics
##	bd0052\$promacum	
##	N: 81	
##		
##		promacum
##		
##	Mean	3.86
##	Std.Dev	0.36
##	Min	3.34
##	Q1	3.55
##	Median	3.83
##	Q3	4.16
##	Max	4.83
##	MAD	0.43
##	IQR	0.61
##	CV	0.09
##	Skewness	0.50
##	SE.Skewness	0.27
##	Kurtosis	-0.58
##	N.Valid	80.00
##	Pct.Valid	98.77

Visualización

Gráficos variables cualitativas con R base

Gráfico de tortas

Diagrama de barras Diag. de barras dos variables

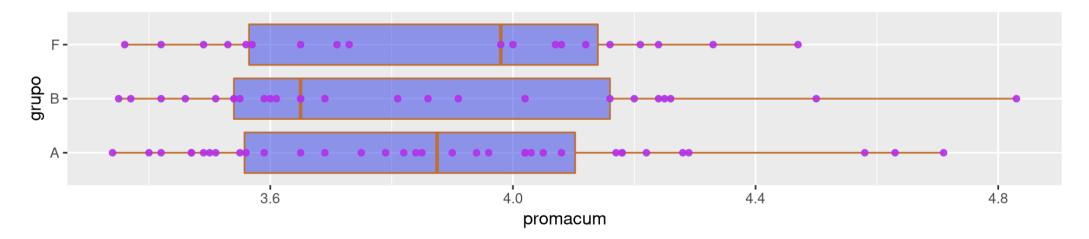
```
cc=c(20, 10, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 20, 30, 20, 20, 10, 30, 20, 20, 30, 30, 30, 30, 10
pie(table(cc), labels=labs, main=" Distribución por carrera")
```

Gráficas variables cuantitativas con R base

```
Diag.de arbol
                            Diag.de Densidad Diag.de Cajas Diag.de cajas~factor
                Histograma
 Diag.de Dispersión
                   Series de tiempo
                                       Resumen
nf=c(4.1, 2.7, 3.1, 3.2, 3.0, 3.2, 2.0, 2.4, 1.6, 3.2, 3.1, 2.6, 2.0, 2.4, 2.8, 3.3, 4.0, 3.4,
stem(nf)
##
     The decimal point is at the |
##
###
     1 |
         67
###
         00012244444
###
##
     2 | 55567777778
###
     3 | 0000000000000001111111122222223344
     3 | 555555566677777777888999
###
     4 | 0111123
###
```

ggplot2





highcharter



https://jkunst.com/highcharter/

https://rstudio-pubs-static.s3.amazonaws.com/320413_6ab300527e8548b1a3cbd0d4c6200fcc.html

plotly



https://plotly.com/r/

https://plotly-r.com/

Shiny



- Genoma humano
- Paquetes de R
- Galeria

Práctica