

Introduccion a R: Ejercicios

Bioinformática - Pasto 2017

Guillermo Torres

Ejercicios

Aquí se pondrán a prueba algunos de los conceptos básicos de la manipulación de datos en R. Se necesitará tener el archivo **femaleMiceWeights.csv**, el cual lo puede encontrar en la carpeta **extdata** en su ruta local o en el repositorio GitHub.

```
library(downloader)
url <- "https://raw.githubusercontent.com/genomicsclass/dagdata/master/inst/extdata/"
filename <- "femaleMiceWeights.csv"
download(paste0(url,filename), destfile=filename)
dat <- read.csv(filename)
## o
filename <- "msleep_ggplot2.csv"
dir <- "extdata/"
dat <- read.csv(paste0(dir,filename))
```

Leer el archivo femaleMiceWeights.csv y reportar:

1. Utilizar los simbolos [y] para extraer filas y columnas específicas de la tabla. Cual es el valor de la segunda columna fila 12?
2. Usar el caracter "\$" para extraer una columna de una tabla y recuperarla como un vector. Usar "\$" para extraer de la columna *Bodyweight* y reportar el peso del raton en la fila 11.
3. La función **length()** reporta el numero de elementos en vector. Cuantos ratones hay en el dataset?
4. Para crear un vector con los número del 3 al 7, podemos usar **seq(3,7)** o **3:7** dado que ellos son consecutivos. Observar los datos e identificar que filas estan asociados con dietas altas en grasa (hf), luego usar la función **mean()** para calcular el promedio del peso de estos ratones.
5. Una de las funciones que vamos a utilizar a menudo es **sample()**. Leer la ayuda para sample usando ?sample. ahora tomar una muestra aleatoria de tamaño 1 desde los numeros 13 a 24 y reportar los pesos de los ratones representados por esa fila. Asegurese de ejecutar el comando **set.seed(1)** antes de sample para que obtenga mismo valor siempre.