# Introducción a R

## Sesión 1: Panorama general de R

Jorge de la Vega Góngora

Instituto Tecnológico Autónomo de México

Sábado 20 de agosto de 2022.

ITAM

ITAM

# Introducción

# Antecedentes: un poco de historia

- El lenguaje `S` se desarrolló en Laboratorios AT & T–Bell, principalmente por John M. Chambers, en 1976. Participan también Rick Becker y Allan Wilks.
- Su uso se expandió rápidamente después de la publicación del libro de John Tukey: “Exploratory Data Analysis” (EDA).
- `S-Plus` fue una versión comercial de `S` que inició en 1987. Su popularidad incrementó dramáticamente después de 1990, y se mantuvo hasta la versión 8 en 2007.
- `S-Plus` fue atractivo porque contaba con una interfaz de usuario gráfica (GUI), y soportaba muchos formatos para importación y exportación de datos y gráficas.

# Nacimiento de R I

- R se comenzó su desarrollo en los 90's, realizado por estadísticos como una alternativa de código abierto a S-Plus, en parte porque entonces no había una versión de S-Plus para Linux.
- Robert Gentleman y Ross Ihaka, de Nueva Zelanda, son los creadores pioneros de R.


- R se basa en el mismo lenguaje S utilizado en la versión 2000 de S-Plus, con algunas excepciones menores. Sin embargo, su arquitectura es un poco diferente.
- Ventajas: bien documentado; fácil de obtener e instalar; fácil de actualizar sus bibliotecas de funciones.
- Algunas desventajas de aquella época:
  - GUI muy básica (hasta la aparición de RStudio)

# Nacimiento de R II

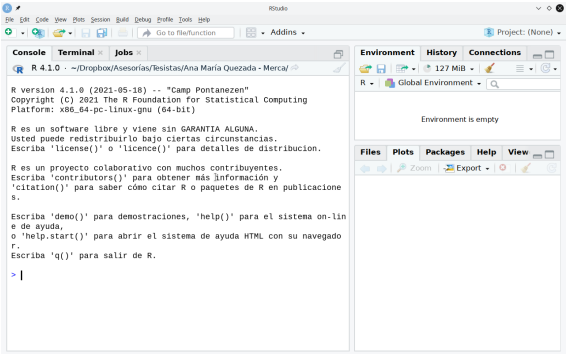
- manejo de memoria RAM ineficiente
- menos capacidades para importar y exportar datos de otros formatos
- no mucha interacción con Office

Estas desventajas se han ido resolviendo con el tiempo.

`RStudio` es una herramienta que facilita el trabajo con `R`, sobre todo en los siguientes puntos:

- Trabaja con `R` y sus gráficas de manera interactiva
- Permite organizar sus programas y tener organizados varios proyectos
- Permite realizar *investigación reproducible*, que esta tomando relevancia en el mundo científico
- Da mantenimiento a los paquetes instalados en el sistema
- Permite crear y compartir reportes
- Permite el intercambio de programas y la colaboración con otros usuarios
- Se puede llevar un control de proyectos en la nube conectando con `github`

Es tanto una interfaz gráfica (GUI) como un ambiente de desarrollo integrado (IDE). Hay versiones para Windows, Linux y Mac OS X. También permite correr `R` desde un servidor remoto.



# ¿Porqué se promueve el uso de R? I

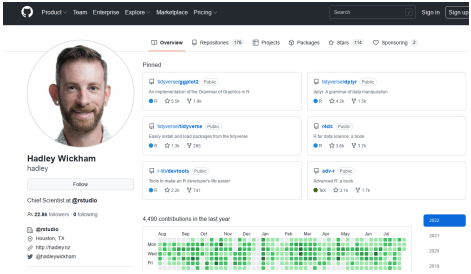
- R es gratuito con un lenguaje poderoso orientado a objetos.
- Permite análisis de datos y gráficas en forma interactiva y reproducible
- Es fácil implementar nuevos métodos y distribuir a otros usuarios
- Su programación y código son abiertos: siempre puedes saber qué estas haciendo
- Investigadores de punta en estadística son programadores de R y cuenta con una muy amplia y extensa comunidad a nivel global
- Millones de recursos (libros, tutoriales, videos, papers, etc.) disponibles de manera gratuita y de fácil acceso. Un Congreso anual de usuarios UseR!.
- R fue planeado para ser extensible
  - Usuarios escriben nuevas funciones, al igual que los desarrolladores.
  - La documentación para agregar funciones es excelente.
  - Las funciones creadas por los usuarios se invocan igual que las internas.
  - Usuarios pueden crear sus propios tipos de datos y agregar atributos, p.ej. comentarios a cada pieza de datos de R.
- R permite trabajar tanto con datos estructurados como no estructurados
- Es un ambiente para análisis estadístico y también un lenguaje de alto nivel: unos cuantos comandos hacen mucho trabajo.

# ¿Porqué se promueve el uso de R? II

- R permite crear las mejores gráficas científicas.
- En R ya hay varios paquetes, contribuidos por diferentes personas, que permiten aplicar eficiente y correctamente muchos métodos estadísticos.
- Permite concentrarse más en la interpretación de los resultados que en la implementación.

# Desarrollo de R en los últimos años

- La comunidad de usuarios de R ha crecido significativamente en los últimos años, en parte por la popularidad de la ciencia de datos, y en parte por la difusión que se le ha dado por su fácil acceso.
- Hadley Wickham ha contribuido de manera importante a su difusión, con la elaboración de paquetes (`ggplot2`, `tidyverse`, `dplyr`, `lubridate`, ...) que facilitan el manejo de datos.




- También se han creado comunidades que facilitan, que promueven ambientes seguros para los y las programadoras, como r-ladies y que organizan seminarios frecuentemente.

# R tiene muchos fans, casi fanáticos

# ¿Porqué NO R?

No todo es maravilloso...

- Para utilizar R a su máximo potencial, la curva de aprendizaje es algo elevada.
- Se requiere, eventualmente, saber programar.
- El uso de paquetes está condicionado al menos parcialmente a los caprichos de su creador: puede decidir cuando cambiar cosas, dejar de dar mantenimiento, etc.
- Es posible que en el software/paquetes haya errores aunque usualmente se detectan, pero no siempre.
- Muchas empresas no permiten el uso de *Open Source* para sus procesos. Prefieren pagar por "soporte", (aunque en la práctica no sirva de nada).
- Es lento para algunas aplicaciones por su estructura, aunque hay maneras de hacerlo más eficiente.

Actualmente, un lenguaje prometedor complementario/sustituto es Julia

# Pasos a seguir

1. Primero hay que instalar `R`.
2. Instalar `RStudio`
3. Instalamos los paquetes complementarios que necesitemos para nuestro trabajo desde `RStudio`.
4. Creamos un proyecto de trabajo para cada uno de los temas que queramos trabajar en `R`. Estos se guardarán en sus respectivos directorios.

# Instalación de R

- Para Windows y Mac: Seguir las instrucciones indicadas en www.r-project.org[1].
- En Linux, cada versión puede tener instrucciones diferentes. Para Ubuntu y sus variedades, se puede consultar esta liga. Para Ubuntu 21.04 en adelante seguir los pasos en una terminal (como `root`):

```
apt update # actualiza los índices
# instala dos paquetes auxiliares necesarios
apt install --no-install-recommends software-properties-common dirmngr
# añade la firma digital para los repositorios (de Michael Rutter)
# Para verificar llave, correr: gpg --show-keys/etc/apt/trusted.gpg.d/cran_ubuntu_key.asc
# Huella digital: 298A3A825C0D65DFD57CBB651716619E084DAB9
wget -qO- https://cloud.r-project.org/bin/linux/ubuntu/marutter_pubkey.asc | sudo tee -a
/etc/apt/trusted.gpg.d/cran_ubuntu_key.asc
# agrega el repo R 4.0 de CRAN -- ajusta 'focal' a 'groovy' o 'bionic'como sea necesario
add-apt-repository "deb https://cloud.r-project.org/bin/linux/ubuntu $(lsb_release -cs)-cran40/"
apt install --no-install-recommends r-base
```

- Puede haber varias versiones de R instaladas en paralelo (cada una tiene su directorio).

[1] Alternativamente, se puede instalar una versión de R mejorada por Microsoft de https://mran.microsoft.com

# Instalación de Rstudio

- La versión para cualquiera de los sistemas operativos, se obtiene el ejecutable de: https://www.rstudio.com/products/rstudio/download/
- Una vez obtenido el archivo, lo ejecutamos y seguimos las instrucciones que se indiquen.

## Ejercicio 1

Instalar R y RStudio en sus computadoras personales.

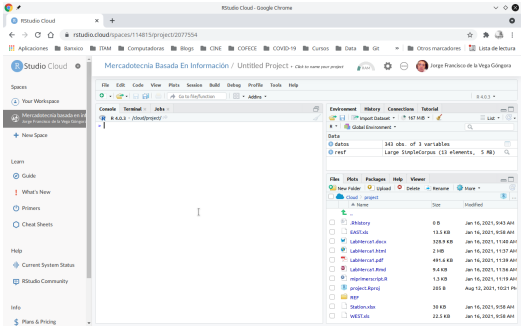
# Instalación de paquetes

- Hay una gran cantidad de paquetes (*libraries*) que son colecciones de funciones empaquetadas que tienen un propósito definido. Los paquetes se publican en un repositorio conocido como CRAN (Comprehensive R Archive Network).
- Algunos paquetes en realidad son colecciones de otros paquetes, o bien algunos paquetes dependen de otros.
- Ejemplos de paquetes útiles que usaremos:
  - `knitr`
  - `rmarkdown`
  - `tidyverse`
  - `dplyr`
  - `forecast`
- Los paquetes se pueden instalar fácilmente desde `RStudio` a través de menús, o bien directamente desde la consola de `R`:

```
install.packages(c('knitr', 'rmarkdown','tydiverse','dplyr','forecast'))
```

# Usando R y RStudio en linea

- Es posible usar una versión de RStudio en línea, a través de https://rstudio.cloud/.




- Se puede usar una versión limitada en memoria y espacio de manera gratuita. Para iniciar el aprendizaje puede ser suficiente, pero en proyectos grandes se requiere más espacio.
- La ventaja es que se puede usar sin problemas de instalación y/o configuración. Todo fluye sin problemas.

## Ejercicio 2: Prueba de instalación y primer documento

- Abrir `RStudio`
- `File` → `New File` → `R Markdown...`
- En la ventana que aparece, Poner título
- Esto crea una plantilla en `markdown`[a]. Guardar con `Save as...` y poner un nombre con la extensión `.Rmd`

[a] Markdown es un lenguaje parecido a html pero muchísimo más simple que permite dar formatos marcando el texto y luego usando un intérprete para cambiar el formato

# Práctica con R

# Formas de utilizar R

R se puede utilizar de varias maneras, dependiendo de la experiencia, conocimiento y necesidad de sistematización:

**Consola** De manera directa, a través de la consola de comandos

**Gui** A través de una interfaz de usuarios gráfica (GUI). En este tema, hay varias opciones, entre las más importantes están `RStudio`, `Jupyter`, `RCommander`, `Rattle`, `Emacs`.

**Batch** En modo *Batch*, a través de un ícono.

# Reglas generales para introducir comandos en R

- Comandos pueden introducirse en más de una linea. el prompt que indica la continuación de una linea es el signo más: +
- Comandos múltiples pueden ser introducidos en una misma linea separados por punto y coma (;)
- Los comentarios inician con #.
- Espacios y tabuladores son ignorados excepto cuando están entre comillas.
- `R` hace distinción entre mayúsculas y minúsculas.
- Se pueden usar las teclas ↑ o ↓ para navegar entre los comandos que han sido tecleados previamente.
- Se puede obtener ayuda de una función, por ejemplo `sin`, usando la ayuda HTML o bien tecleando `?sin` o `help(sin)`.
- La combinación de teclas `Ctrl + L` limpia la consola.

# Ejemplos I

Los comandos más elementales consisten de expresiones o asignaciones.

```
2 + 3
```

```
[1] 5
```

```
sqrt(3/4)/(1/3-2*pi^2)
```

```
[1] -0.04462697
```

```
# genera datos aleatorios con distribución normal.
x <- rnorm(100,sd=4); y <- runif(100,-2,5)
# Los siguientes comandos devuelven por default los primeros y últimos 6 datos respectivamente
head(x); tail(x)
```

```
[1]  6.0005501  2.0873760 -3.4723304 -0.1496834  2.0878775 -5.5121548
[1]  6.307293 -3.877667  1.338596 -4.280315  3.643659 -2.045213
```

```
head(x,10)  # Se puede cambiar el número de datos que queremos ver.
```

```
 [1]  6.0005501  2.0873760 -3.4723304 -0.1496834  2.0878775 -5.5121548
 [7]  3.5507616 -0.3875537  1.1888960  1.1097880
```

```
plot(x,y, main ="Mi primera gráfica\n ya soy expert!", xlab = "eje x", ylab = "eje y")
```


Mi primera gráfica
ya soy expert!
eje y
5
4
3
2
1
0
−2
−10
−5
0
5
eje x

# Ejemplos I

```
z <- cbind(x,y) # 'pega' dos vectores por columnas
head(z)
```

```
              x           y
[1,]  6.0005501  3.81462345
[2,]  2.0873760  0.05414114
[3,] -3.4723304  4.18890834
[4,] -0.1496834 -0.58645224
[5,]  2.0878775  4.15527681
[6,] -5.5121548  3.25291779
```

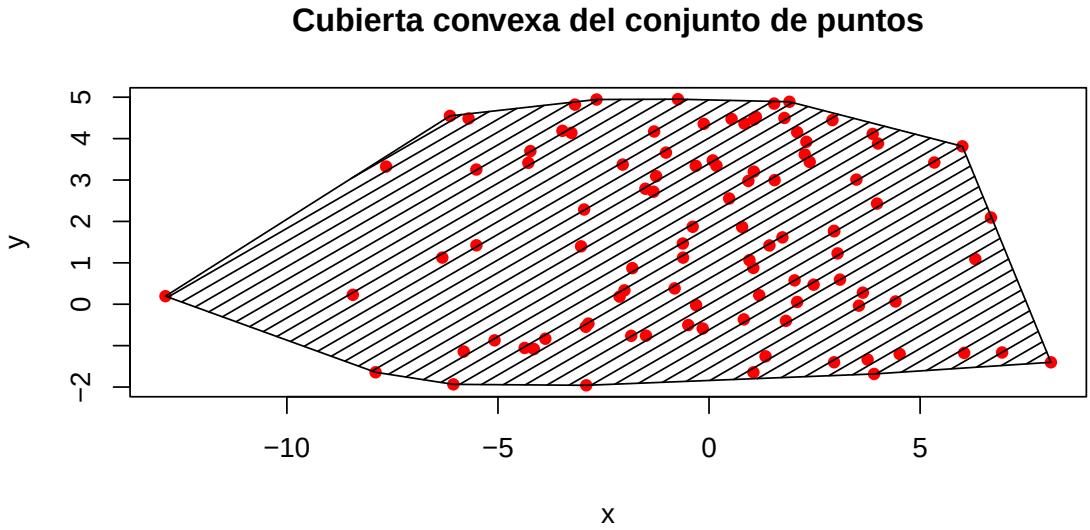
```
t(z) %*% z  # producto de matrices
```

```
          x        y
x 1403.5082  -2.3072
y   -2.3072 725.1019
```

```
crossprod(z)
```

```
          x        y
x 1403.5082  -2.3072
y   -2.3072 725.1019
```

```
h <- chull(x,y)  # cubierta convexa del conjunto de puntos
plot(x, y, pch = 16, col = "red", main = "Cubierta convexa del conjunto de puntos")
polygon(x[h], y[h], dens = 15, angle = 30)
```


Cubierta convexa del conjunto de puntos
y
5
4
3
2
1
0
−2
−10
−5
0
5
x

# Estructuras de datos

# Descripción concisa de objetos en R

En esta sección se describirán los principales tipos de objetos que se usan comunmente en R. Estos son:

- Vectores
- Matrices
- Arreglos
- Listas
- Factores
- Dataframes
- Funciones
- Indexación

A continuación veremos las características de cada uno de estos tipos de objetos.

# Vectores I

Un vector es un conjunto *ordenado* de datos que son **del mismo tipo base o clase** (no se pueden mezclar). Cada elemento de un vector se le llama *componente*. Las clases pueden ser:

- numéricos `numeric`. Estos pueden ser a su vez de subclases: `integer` o `double` o `complex`

```
(x <- c(2,4,6))
[1] 2 4 6
class(x)
[1] "numeric"
1:5   #El símbolo ":" es para indicar una sucesión
[1] 1 2 3 4 5
```

- lógicos `logical`

```
(l <- c(TRUE,FALSE,TRUE,TRUE,FALSE))
[1]  TRUE FALSE  TRUE  TRUE FALSE
class(l)
[1] "logical"
class(l) <- "integer" #Podemos cambiar la clase para representar los valores lógicos como 0's y 1's
l
[1] 1 0 1 1 0
class(l) <- "logical" # y podemos regresarlos a su clase original.
l
[1]  TRUE FALSE  TRUE  TRUE FALSE
```

# Vectores II

- caractéres `character`

```
(a <- c("a","b",'c'))  #Se pueden usar comillas dobles o sencillas, pero tienen que ser consistentes.
[1] "a" "b" "c"
(b <- c('a','b',"c"))
[1] "a" "b" "c"
class(b)
[1] "character"
```

# Propiedades de los vectores I

Consideremos algunas propiedades y operaciones con los vectores.

- Cada componente de un vector se le puede asignar un nombre. El nombre es un *atributo* del vector.

```
x <- 1:5
colores <- c("rojo","amarillo",'negro','azul',"blanco")
names(x) <- colores  # modifica el atributo de nombres
x
```

```
    rojo amarillo    negro     azul   blanco
       1        2        3        4        5
```

```
attr(x,"names") #revisa cuál es el atributo de nombres
```

```
[1] "rojo"     "amarillo" "negro"    "azul"     "blanco"
```

- Otro atributo del vector es su longitud (`length`): es decir, el número de elementos que tiene el vector

# Propiedades de los vectores II

```
length(x)
```

```
[1] 5
```

```
length(x) <- 8  #¿Qué pasa si cambiamos la longitud del vector a una mayor?
x
```

```
    rojo amarillo    negro     azul   blanco
       1        2        3        4        5       NA       NA       NA
```

```
length(x) <- 3 # ¿a una menor longitud?
x
```

```
    rojo amarillo    negro
       1        2        3
```

```
length(x) <- 5 # se pierde información si lo regresamos a su tamaño? SI
x
```

```
    rojo amarillo    negro
       1        2        3       NA       NA
```

- Los vectores se pueden combinar. Cuando los vectores no son del mismo tipo, R cambia el tipo base al más general posible: esto se llama *coerción*. Esto es necesario para mantener el mismo tipo de datos.

```
x <- 1:5; y <- c("letras","no números")
z <- c(x,y) # se combinan los vectores con la función de concatenación
z
```

```
[1] "1"          "2"          "3"          "4"          "5"
[6] "letras"     "no números"
```

# Propiedades de los vectores III

- Uso de índices para accesar componentes del vector

```
x[2]   #podemos tomar un elemento
[1] 2
x[1:3] # o un subconjunto del vector.
[1] 1 2 3
x[10] # cuando se usa un índice que no es parte del vector
[1] NA
x[c(1,1,3)]  #los índices se pueden duplicar
[1] 1 1 3
```

o por nombre si lo tiene:

```
x["rojo"]
[1] NA
```

Para quitar elementos usamos un signo negativo:

```
x[-1]
[1] 2 3 4 5
x[-c(1,3)]  # quita más de uno en diferentes posiciones.
[1] 2 4 5
x           # notar que no se modifica el vector con las operaciones anteriores, porque no están asignadas, sólo calculadas.
[1] 1 2 3 4 5
```

# Propiedades de los vectores IV

- Otras formas de crear vectores:

```
z <- numeric(10)  # crea un vector de longitud 10, numérico. No tiene valores.
z
 [1] 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
z <- character(10)
z
 [1] "" "" "" "" "" "" "" "" "" ""
z <- logical(10)
z
 [1] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
z <- numeric(0)  # define un vector sin elementos (vacío) es mejor que z <- NULL. Es mejor definir los objetos del tamaño final que tend
z
numeric(0)
```

# Ejemplo I

En ocasiones se puede hacer un vector vacío de longitud conocida. El propósito es hacer una 'reserva de memoria' de la computadora cuando estamos programando, y construímos el siguiente ejemplo para aprovechar el momento e introducir el concepto de ciclo `for` en un programa.

## Ejercicio

Supongan que quieren distribuir a un número de estudiantes dado los problemas de una tarea al azar.

Para el ejercicio necesitamos extraer tantos números como estudiantes tenemos.

# Ejemplo II

```
num_estudiantes <- 10 # podemos considerar a este valor como un parámetro
a <- numeric(num_estudiantes)   # En este vector guardaremos el orden obtenido
A <- 1:num_estudiantes          # El conjunto de los números

for (i in 1:10){     # i es una variable auxiliar
        a[i] <- sample(A,1)   # Extraemos un número de A al azar con la función sample
        A <- setdiff(A,a[i])  # Actualizamos el conjunto para no repetir los números
}
a  # vemos la solución
```

```
 [1]  9  4 10  6  7  3  5  2  1  5
```

```
#El ejercicio anterior se puede hacer de manera más simple:
sample(A)  # extrae una muestra sin reemplazo del mismo tamaño que el conjunto dado.
```

```
[1] 8 6 3 1 7 2 4 5
```

# Aritmética con vectores I

- Las operaciones aritméticas de los vectores se llevan componente a componente:

```
x <- c(1,4,5,2,10)
y <- c(3,1,2,5,6)
x + y
```

```
[1]  4  5  7  7 16
```

```
x - y
```

```
[1] -2  3  3 -3  4
```

```
x * y
```

```
[1]  3  4 10 10 60
```

```
x/y
```

```
[1] 0.3333333 4.0000000 2.5000000 0.4000000 1.6666667
```

- Si un vector se divide o multiplica por un número, cada componente del vector se multiplica/divide por ese número. Si un número se divide por un vector, se obtiene un vector el número dividido por cada componente

```
w <- 1:5
2*w
```

```
[1]  2  4  6  8 10
```

```
2/w
```

```
[1] 2.0000000 1.0000000 0.6666667 0.5000000 0.4000000
```

# Aritmética con vectores II

- Regla del reciclaje: ¿Qué pasa si intentamos hacer operaciones con vectores que tienen diferente longitud? Resulta la siguiente regla:

**El vector más corto se reciclará para que tenga el tamaño del vector más grande**

```
u <- c(10,20,30)
v <- 1:9
u + v
```

```
[1] 11 22 33 14 25 36 17 28 39
```

Hay que tener esta regla presente y tener mucho cuidado al usarla o no darse cuenta de que se está aplicando.

# Un tipo especial de vector: los *factores* I

## Factores

- Los objetos llamados *factores* son un tipo especial de vector que típicamente se utilizan para guardar variables que *clasifican* cosas. Estas variables tienen un significado especial en estadística, particularmente en el análisis de regresión y en el diseño de encuestas, como veremos más adelante en el diplomado.
- La característica importante de un factor es que etiquetan observaciones a pertenecer a cierto grupo o categoría. Por ejemplo, la religión, el sexo, el estado civil, el estado de la república, etc, son ejemplos de variables que pueden considerarse factores cuando se usan para separar grupos.
- Los *niveles* o etiquetas de los grupos no son relevante en sí, sólo el hecho de que distinguen a las observaciones en diferentes grupos. Se puede usar 'H' y 'M' o bien 0 y 1 o bien 1 y 0, para distinguir las observaciones de hombres y de mujeres.

# Un tipo especial de vector: los *factores* II

```
# variable con los tipos de crédito: hip = hipotecario, TC = tarjeta de crédito, per = personal.
credito <- factor(c("hip","TC","per","per","hip","per","TC","TC"))
credito
```

```
[1] hip TC  per per hip per TC  TC
Levels: hip per TC
```

En un factor, R ordena Los niveles alfabéticamente. Algunas funciones le dan un valor especial al primer nivel, por lo que a veces se requiere dar explícitamente los niveles.
En ciertos casos, los grupos pueden tener tener un orden, por ejemplo, si se considera ingreso, se puede pensar en un ingreso bajo, medio o alto. En ese caso se dice que el factor es *ordinal*. Cuando los factores son ordinales, se puede indicar el orden deseado de las etiquetas:

```
ingreso <- ordered(c("M","B","M","A","M","B","B","A"), levels = c("B","M","A"))
ingreso
```

```
[1] M B M A M B B A
Levels: B < M < A
```

Una variable que es continua pero que se quiere separar en rangos para definir grupos (por ejemplo, el ingreso bajo puede ir de 0 a 1000 mensuales), se puede *discretizar* usando la función cut:

# Un tipo especial de vector: los *factores* III

```
z <- rnorm(20)
z

 [1] -0.316735654 -0.128733283  0.446775823  0.001939828  0.727962868
 [6]  0.246994950  0.991726427  0.269834098 -1.035580147 -0.130656478
[11] -0.426849977 -0.209714913 -1.094755708 -0.033723564 -0.827309599
[16] -0.152100242 -1.729311909  2.243646988 -0.045625376 -0.177337346

u <- cut(z,breaks = c(-4,-2,0,2,4))  #damos los puntos de corte
u <- ordered(u, levels(u))
u

 [1] (-2,0] (-2,0] (0,2]  (0,2]  (0,2]  (0,2]  (0,2]  (0,2]  (-2,0] (-2,0]
[11] (-2,0] (-2,0] (-2,0] (-2,0] (-2,0] (-2,0] (-2,0] (2,4]  (-2,0] (-2,0]
Levels: (-4,-2] < (-2,0] < (0,2] < (2,4]

levels(u) <- c("B","MB","MA","A") #Podemos reetiquetar los niveles para hacerlos más fáciles de leer o entender
```

## Matrices

Una *matriz* es un conjunto de datos arreglados en un rectángulo en dos dimensiones (tiene renglones y columnas). Por ejemplo, la siguiente matriz tiene dos renglones y tres columnas:

$$\mathbf{A} = \begin{bmatrix} 2 & 4 & 3 \\ 1 & 5 & 7 \end{bmatrix}$$

También se puede pensar en una matriz como un vector con atributo de dimensión (`dim`). Entonces, de hecho, las matrices en `R` son también vectores.

Veamos unos ejemplos:

# Matrices II

```
x <- 1:20
x
```

```
 [1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20
```

```
dim(x) <- c(2,10) #le asignamos dimensión al vector x
x
```

```
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9] [,10]
[1,]    1    3    5    7    9   11   13   15   17    19
[2,]    2    4    6    8   10   12   14   16   18    20
```

```
dim(x) <- NULL  #¿qué pasa si le quitamos su dimensión? También se puede usar c(x)
x
```

```
 [1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20
```

Para crear una matiz, se puede usar la siguiente forma

```
A <- matrix(c(2,4,6,7,8,4,5,6,2,1), # los datos
            nrow = 2,               # el número de renglones
            ncol = 5)               # el número de columnas
A
```

```
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    2    6    8    5    2
[2,]    4    7    4    6    1
```

# Matrices III

La matriz también se puede llenar por renglones usando índices para sus componentes

```
A <- matrix(
     c(2,4,6,7,8,4,5,6,2,1),
     nrow = 2,
     ncol = 5,
     byrow = T)              # Se indica que se llene por renglón
A

     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    2    4    6    7    8
[2,]    4    5    6    2    1
```

Los elementos de la matriz se pueden accesar usando:

# Matrices IV

```
A[2,3]  # El elemento en el renglón 2 y columma 3
```

```
[1] 6
```

```
A[2, ]  # Todo el renglón 2, notar que es un vector
```

```
[1] 4 5 6 2 1
```

```
A[ ,3]  # Toda la columma 3, notar que es un vector
```

```
[1] 6 6
```

```
A[,c(1,3)] # Columnas 1 y 3, es una sub-matriz
```

```
     [,1] [,2]
[1,]    2    6
[2,]    4    6
```

El número de renglones y columnas pueden obtenerse con las funciones `nrow` y `ncol`.

```
nrow(A)
```

```
[1] 2
```

```
ncol(A)
```

```
[1] 5
```

# Matrices V

Podemos asignar nombres a los renglones y a las columnas de la matriz, y como en el caso de los vectores, podemos accesar a los elementos por los nombres:

```
dimnames(A) = list(                  # La función para definir los nombres de las dimensiones, tiene que ser una lista.
              c("r1", "r2"),         # nombres de renglones
              c("c1", "c2", "c3","c4","c5"))   # nombres de columnas

A

   c1 c2 c3 c4 c5
r1  2  4  6  7  8
r2  4  5  6  2  1

A["r2", "c3"] # elemento en el renglón 2 y columna 3

[1] 6
```

# Operaciones con matrices I

La *transpuesta* de una matriz intercambia los renglones y columnas. La notación matemática de la transpuesta de una matriz $A$ es $A^T$ o $A'$ o $A^t$.

```
# No es necesario dar el número de columnas cuando tenemos la longitud
# y el número de renglones:

B <- matrix(1:6,nrow=3)
B

     [,1] [,2]
[1,]    1    4
[2,]    2    5
[3,]    3    6

t(B)      # transpuesta de B

     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    2    3
[2,]    4    5    6
```

Así como con los vectores, si multiplicamos dos matrices que tengan las mismas dimensiones, la multiplicación se hace entrada a entrada:

# Operaciones con matrices II

```
B*B
```

```
     [,1] [,2]
[1,]    1   16
[2,]    4   25
[3,]    9   36
```

Pero ese tipo de producto no es el *producto de matrices* que se utiliza en matemáticas. El producto matricial tiene una notación especial: %*%s y sólo se puede hacer si el número de renglones de una matriz es igual al número de columnas de la otra matriz, es decir, una matriz es de dimensiones $r \times c$ y la otra debe ser $c \times q$.

```
B %*% t(B)
```

```
     [,1] [,2] [,3]
[1,]   17   22   27
[2,]   22   29   36
[3,]   27   36   45
```

Podemos *combinar* matrices si tienen el mismo número de renglones, o el mismo número de columnas para crear una matriz más grande:

# Operaciones con matrices III

```
C <- matrix(c(7,4,1), nrow = 3)  #C tiene dimensiones 3x1
# Combinamos B y C por columnas (porque ambas tienen el mismo número de renglones:
cbind(C,B)
```

```
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    7    1    4
[2,]    4    2    5
[3,]    1    3    6
```

```
cbind(B,C)
```

```
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    4    7
[2,]    2    5    4
[3,]    3    6    1
```

Para combinar por renglones, usamos la función `rbind`

## factores como matrices

En realidad, los objetos que llamamos factores, en realidad son matrices.

## Arreglos

Los *Arreglos* son una extensión de las matrices, en donde se pueden agregar más dimensiones (`dim`) de longitud 3 o más.

Por ejemplo:

```
x <- 1:30
dim(x) <- c(5,2,3)  # es como un 'cubo'
dimnames(x) <- list(color = colores, tipo = c("gordo", "flaco"), var = c("H", "M", "N"))
```

Los elementos se pueden accesar como en el caso de vectores.

# Arreglos II

```
x[3,2,1]

[1] 8

x[,,1]   # caras del arreglo

          tipo
color      gordo flaco
  rojo         1     6
  amarillo     2     7
  negro        3     8
  azul         4     9
  blanco       5    10

x[2,,3]

gordo flaco
   22    27
```

La convención en R para *llenar* un arreglo es la siguiente: el primer índice es el que se ‘mueve’ más rápido y el último es el que se ‘mueve’ más lento.
Un arreglo sigue siendo un vector, pero con más dimensiones. Acomodar las cosas en dimensiones puede ser útil para *organizar la información*.

## listas

Una *lista* es un objeto que sirve para contener otros objetos que pueden ser todos de diferentes tipos.

- Esta puede ser la estructura de datos más interesante para almacenar datos que se conocen como *no-estructurados*. El manejo de las listas puede ser un poco más difícil de entender, por la manera en que tenemos que accesar a sus elementos. Lo veremos a través de un ejemplo concreto
- Consideremos un crédito a una persona. El crédito tiene varias características importantes que se tienen que definir:
  - El tipo: puede ser hipotecario, tarjeta de crédito, personal, automotriz.
  - El monto del préstamo
  - La tasa de interés que tiene el crédito
  - Su plazo (en meses)
  - su fecha de contratación
  - datos demográficos de la persona que recibe el crédito (edad, sexo, estado civil).

# Listas II

Podemos definir una lista con todas estas características:

```
Credito <- list(tipo = "Hipotecario",
                plazo = 28,
                fecha = "01/04/20",
                tasa = 7.58,
                demograficos = c(35,1,0))
Credito
```

```
$tipo
[1] "Hipotecario"

$plazo
[1] 28

$fecha
[1] "01/04/20"

$tasa
[1] 7.58

$demograficos
[1] 35  1  0
```

# Listas III

- A los elementos de la lista se puede accesar ya sea por posición o por nombre:

```
   Credito[[3]] #tercer objeto en la lista
[1] "01/04/20"
   Credito[3]  # lista con un componente
$fecha
[1] "01/04/20"
   Credito$fecha  #componente con nombre fecha
[1] "01/04/20"
   Credito[3:4] #se seleccionan varios elementos como vector
$fecha
[1] "01/04/20"

$tasa
[1] 7.58
```

Se nos olvidó agregar el monto:

# Listas IV

```
Credito <- c(Credito, monto = 1.2)  #se agrega el monto del crédito, en millones
Credito
```

```
$tipo
[1] "Hipotecario"

$plazo
[1] 28

$fecha
[1] "01/04/20"

$tasa
[1] 7.58

$demograficos
[1] 35  1  0

$monto
[1] 1.2
```

Elimina el componente monto de la lista

```
Credito$monto <- NULL  #o Credito[["monto"]] <- NULL
Credito
```

```
$tipo
[1] "Hipotecario"

$plazo
[1] 28

$fecha
[1] "01/04/20"

$tasa
[1] 7.58

$demograficos
[1] 35  1  0
```

- La función `unlist` convierte una lista en un vector, pero se aplica coerción para que todos los objetos tengan el mismo tipo, y cuando un objeto tiene una dimensión mayor, agrega cada componente numerado secuencialmente.

```
unlist(Credito)
```

```
        tipo         plazo         fecha          tasa demograficos1
"Hipotecario"          "28"   "01/04/20"        "7.58"          "35"
demograficos2 demograficos3
          "1"           "0"
```

# Dataframes I

- Un *dataframe* es una lista hecha de vectores de la misma longitud, pero pueden ser de diferente tipo. Es la estructura más adecuada para guardar datos estructurados y lo más cercano a lo que se conoce como una *base de datos*.
- Un dataframe tiene atributos que las listas no tienen. La función `data.frame` genera un dataframe. Se puede usar la función `cbind` o `rbind` como si los datos fueran una matriz, pero regresa un dataframe:

```
z <- data.frame(inst = factor(c("Cete","Cete","M0","M1","M1")),
                precio = c(9.91,9.93,9.988,9.87,9.67),
                ven = rep("01/10/04",5))
 z
```

```
  inst precio      ven
1 Cete  9.910 01/10/04
2 Cete  9.930 01/10/04
3   M0  9.988 01/10/04
4   M1  9.870 01/10/04
5   M1  9.670 01/10/04
```

```
 (z2 <- cbind(z,z))
```

```
  inst precio      ven inst precio      ven
1 Cete  9.910 01/10/04 Cete  9.910 01/10/04
2 Cete  9.930 01/10/04 Cete  9.930 01/10/04
3   M0  9.988 01/10/04   M0  9.988 01/10/04
4   M1  9.870 01/10/04   M1  9.870 01/10/04
5   M1  9.670 01/10/04   M1  9.670 01/10/04
```

# Dataframes II

```
attributes(z)
```

```
$names
[1] "inst"   "precio" "ven"

$class
[1] "data.frame"

$row.names
[1] 1 2 3 4 5
```

- Los `dataframes` pueden ser indexados como matrices o como listas.

```
z[2] #es un dataframe
```

```
  precio
1  9.910
2  9.930
3  9.988
4  9.870
5  9.670
```

```
z[[2]] #es un vector, que es el segundo elemento de la lista
```

```
[1] 9.910 9.930 9.988 9.870 9.670
```

```
z[z$inst == 'Cete',]  # selecciona sólo los instrumentos que son Cetes.
```

```
  inst precio      ven
1 Cete   9.91 01/10/04
2 Cete   9.93 01/10/04
```

# Dataframes III

- Matrices y listas pueden ser anexadas a un dataframe:

```
y <- matrix(rnorm(10),nrow=5)
y
```

```
            [,1]       [,2]
[1,]  1.05643613 0.9365062
[2,] -0.38300225 1.6729235
[3,] -0.32453828 1.1590526
[4,]  0.76219037 0.7705707
[5,]  0.02159117 1.2062416
```

```
z <- data.frame(z,y)
z
```

```
  inst precio      ven          X1        X2
1 Cete  9.910 01/10/04  1.05643613 0.9365062
2 Cete  9.930 01/10/04 -0.38300225 1.6729235
3   M0  9.988 01/10/04 -0.32453828 1.1590526
4   M1  9.870 01/10/04  0.76219037 0.7705707
5   M1  9.670 01/10/04  0.02159117 1.2062416
```

## Qué es la indexación?

La indexación consiste en extraer partes de un objeto en R, típicamente de alguna de las estructuras de datos.

Para vectores, los vectores índices pueden ser de 5 tipos:

1. Una proposición lógica que se puede valuar como verdadera o falsa para cada elemento del vector:

```
y
```

```
            [,1]      [,2]
[1,]  1.05643613 0.9365062
[2,] -0.38300225 1.6729235
[3,] -0.32453828 1.1590526
[4,]  0.76219037 0.7705707
[5,]  0.02159117 1.2062416
```

```
y < 0
```

```
      [,1]  [,2]
[1,] FALSE FALSE
[2,]  TRUE FALSE
[3,]  TRUE FALSE
[4,] FALSE FALSE
[5,] FALSE FALSE
```

```
y[y < 0]
```

```
[1] -0.3830023 -0.3245383
```

# Indexación II

2. Un vector de enteros positivos o un factor:

```
z[z$inst == "MO", ]
```

```
  inst precio      ven         X1       X2
3   MO  9.988 01/10/04 -0.3245383 1.159053
```

3. Un vector de enteros negativos: sirve para *excluir* términos:

```
y[-c(2,5,8)]
```

```
[1]  1.0564361 -0.3245383  0.7621904  0.9365062  1.6729235  0.7705707  1.2062416
```

4. Un vector de cadenas de caracteres: esto sólo aplica cuando el objeto tiene nombres. De otra forma, devuelve `NA`.
5. La posición de índice es vacía. `y[]`. Se comporta como si se reemplazara el índice por `1:length(y)`.
6. Un arreglo puede ser indexado por una matriz: si el arreglo tiene $k$ índices, la matriz índice debe ser de dimensiones $m \times k$ y cada renglón de la matriz es usado como un conjunto de índices especificando un elemento del arreglo.

# Indexación III

7. Índices ceros no caen en ningún caso anterior: un índice 0 en un vector ya creado pasa nada y un índice 0 en un vector al que se le asigna un valor no lo acepta:

```
a <- 1:4
a[0]
```

```
integer(0)
```

```
a[0] <- 10
a
```

```
[1] 1 2 3 4
```

## Ejercicio 3

- `R` tiene algunos archivos de datos precargados para mostrar cómo se realizan algunos análisis de datos. En este caso, carguen el conjunto de datos que se llama `state.x77` que contiene algunas estadísticas de cada estado de los EUA, para el año 1977:

```
head(state.x77)
```

| | Population | Income | Illiteracy | Life Exp | Murder | HS Grad | Frost | Area |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Alabama | 3615 | 3624 | 2.1 | 69.05 | 15.1 | 41.3 | 20 | 50708 |
| Alaska | 365 | 6315 | 1.5 | 69.31 | 11.3 | 66.7 | 152 | 566432 |
| Arizona | 2212 | 4530 | 1.8 | 70.55 | 7.8 | 58.1 | 15 | 113417 |
| Arkansas | 2110 | 3378 | 1.9 | 70.66 | 10.1 | 39.9 | 65 | 51945 |
| California | 21198 | 5114 | 1.1 | 71.71 | 10.3 | 62.6 | 20 | 156361 |
| Colorado | 2541 | 4884 | 0.7 | 72.06 | 6.8 | 63.9 | 166 | 103766 |

- Con los datos anteriores, hacer lo siguiente:
  - Calculen la media de analfabetismo y de asesinatos de ese año.
  - Ordenar los valores de menor a mayor de acuerdo al número de asesinatos, usando la función `sort`
  - Hagan una gráfica que muestre los datos de manera útil.
  - Identifiquen los estados que tienen una tasa de asesinatos mayor al 12 %.
  - Grafica los datos para tasa de analfabetismo y número de asesinatos.
  - Obten el subconjunto de datos que empiezan con ”M”.