

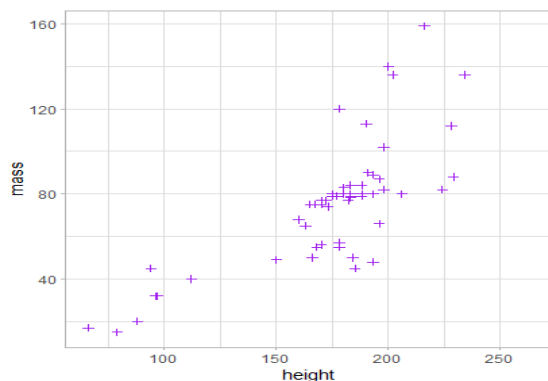
## LABORATORIO 2

Álvaro Morro Pérez y Laura González López

1. ¿Cuántos registros cumplen las condiciones finales?
  - Filtrar por humanos: hay 35 registros de humanos de los datos de starwars.
  - Filtrar solo humanos del planeta tatooine: hay 8 registros de humanos del planeta tatooine.
  - Filtrar con todas las especies menos los droides: 77 registros de entidades que no son droides.
2. ¿Cómo calcularías la desviación estándar (sd) de esos parámetros?

Usariamos el commando: **starwars %>% group\_by(species) %>% summarise(Standard\_height = sd(height,na.rm =T), standard\_mass = sd(mass, na.rm= T))**

3. Al crear los gráficos puedes observar que hay un punto que corresponde a un personaje con una masa muy grande. Inspecciona el dataset, filtra usando las funciones de tidyverse, crea un nuevo dataframe sin ese personaje y crea de nuevo el gráfico final. (Exporta el gráfico con la opción exportar en el panel derecho y adjúntalo en el pdf)
  - indentificar cual es el que pesa más con el comando: **table\_mass <- starwars %>% group\_by(species) %>% summarise(mean\_mass = mean(mass,na.rm = T))**
  - Como ya se cual pesa más hago un data frame en el que no se le incluya con el comando: **table\_graphmassheight <- starwars %>% group\_by(species) %>% filter (species != "Hutt")**
  - A partir de este data frame hago mi plot con el commando: **ggplot(table\_graphmassheight, aes(height,mass)) + geom\_point(colour = "purple", pch= 3) + theme\_light()**

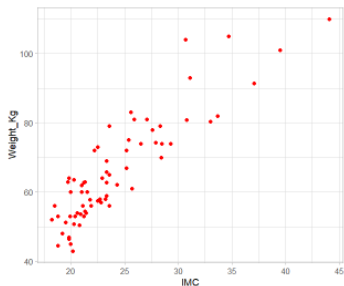


4. Inspecciona el dataset, haz un resumen de la media (mean) de las variables (Peso, Altura, IMC, IAS, CCintura). Agrupando por sexo.  
Lo hago con el commando: **toy %>% group\_by(Sex) %>% summarise(mean\_weightkg = mean(Weight\_Kg, na.rm = T), mean\_height = mean(Height\_cm, na.rm = T), meanIMC =**

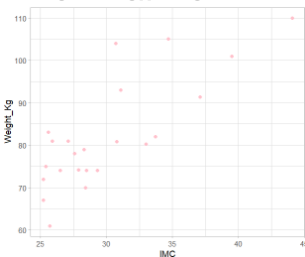
```
mean(IMC, na.nr= T), meanIAS = mean(IAS, na.nr= T), meanCcintura= mean(Ccintura, na.nr= T))
```

- Haz una tabla sólo con los pacientes femeninos ¿Cuántos registros cumplen las condiciones? ¿De estos cuantos tienen Sobrepeso (Overweight)? Usa select y filter.  
Para hacer la tabla de los pacientes femeninos usamos el comando: **tablewomen <- toy %>% filter(Sex != "Men")** y hay 58 registros.  
Para saber cuántas tienen sobrepeso uso el comando: **tablewomenoverweight <- toy %>% filter(Sex != "Men") %>% filter(IMC\_clas == "Overweight")** y hay 23 registros de mujeres con sobrepeso.

- Haz un gráfico usando ggplot relacionando el IMC (Índice de masa corporal) con el peso (Weight\_Kg) de todos los pacientes.  
Lo hago con el comando: **ggplot(toy, aes(IMC, Weight\_Kg)) + geom\_point(colour = "red") + theme\_light()**



- Repítelo filtrando sólo los pacientes categorizados como "Overweight" y "Obesity".  
Hago una tabla filtrando los pacientes con sobrepeso y obesidad: **tableobesityoverweight <- toy %>% filter(IMC\_clas == "Overweight" | IMC\_clas == "Obesity")**  
Para hacer el gráfico uso el comando: **ggplot(tableobesityoverweight, aes(IMC, Weight\_Kg)) + geom\_point(colour = "pink") + theme\_light()**



- Utiliza los comandos adecuados para instalar los paquetes de R ape phangorn y phytools que utilizaremos en el laboratorio de la siguiente semana. Carga las librerías y envía un print de pantalla con el output, demostrando que la instalación fue exitosa o si hubo algún problema.

```
Installing package into 'C:/Users/david/AppData/Local/R/win-library/4.2'
(as 'lib' is unspecified)
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.2/ape_5.8.zip'
Content type 'application/zip' length 3404102 bytes (3.2 MB)
downloaded 3.2 MB
```

```
package 'ape' successfully unpacked and MD5 sums checked
```

```
Warning: package 'ape' was built under R version 4.2.3
Warning: package 'maps' was built under R version 4.2.3
** testing if installed package keeps a record of temporary installation path
* DONE (phytools)

Warning: package 'ape' was built under R version 4.2.3
** testing if installed package keeps a record of temporary installation path
* DONE (phangorn)
```