

Laboratorio-3_-Jonathan-Abelardo-Mata-Hernandez.R

Jana0

2023-02-24

```
#ANALISIS ESTADISTICO
#Nombre: Jonathan Abelardo Mata Hernandez
#Fecha: 23/02/2022
#Matricula: 1686965

#Laboratorio 3: Importar datos a R

#Parte 1: Importar datos

trees <- read.csv("DBH_1.csv", header = TRUE)
head(trees)
```

```
##   Trees  dbh
## 1      1 16.5
## 2      2 25.3
## 3      3 22.1
## 4      4 17.2
## 5      5 16.1
## 6      6  8.1
```

```
dbh <- c(16.5, 25.3, 22.1, 17.2, 16.1, 8.1, 34.3, 5.4, 5.7, 11.2, 24.1,14.5, 7.7, 15.6, 15.9, 1
0, 17.5, 20.5, 7.8, 27.3,9.7, 6.5, 23.4, 8.2, 28.5, 10.4, 11.5, 14.3, 17.2, 16.8)
```

```
#Datos de URL no seguros
```

```
prof_url <- "http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/7635/1/accionesInspeccionfoanp.csv"

profepa <- read.csv(prof_url, header = TRUE, encoding = "latin1")
profepa
```

##	Entidad	Inspección	Recorrido	Operativo
## 1	Aguascalientes	7	5	1
## 2	Baja California	0	12	3
## 3	Baja California Sur	5	9	3
## 4	Campeche	1	4	3
## 5	Chiapas	3	11	0
## 6	Chihuahua	48	25	2
## 7	Coahuila	6	14	2
## 8	Colima	1	1	0
## 9	Durango	0	0	0
## 10	Guanajuato	1	0	0
## 11	Guerrero	2	3	0
## 12	Hidalgo	3	2	0
## 13	Jalisco	2	0	2
## 14	México	73	26	4
## 15	Michoacán	25	26	3
## 16	Morelos	27	19	6
## 17	Nayarit	0	15	7
## 18	Nuevo León	3	7	0
## 19	Oaxaca	0	2	0
## 20	Puebla	7	7	0
## 21	Querétaro	10	11	0
## 22	Quintana Roo	8	5	3
## 23	San Luis Potosí	0	2	3
## 24	Sinaloa	3	8	2
## 25	Sonora	0	0	1
## 26	Tabasco	0	6	1
## 27	Tamaulipas	0	0	0
## 28	Tlaxcala	61	27	6
## 29	Veracruz	16	10	3
## 30	Yucatán	1	3	2
## 31	Zacatecas	19	7	4
## 32	ZMM	49	10	2
## 33	Oficinas Centrales	157	695	24

```
head(profepa)
```

##	Entidad	Inspección	Recorrido	Operativo
## 1	Aguascalientes	7	5	1
## 2	Baja California	0	12	3
## 3	Baja California Sur	5	9	3
## 4	Campeche	1	4	3
## 5	Chiapas	3	11	0
## 6	Chihuahua	48	25	2

```
library(readr)
file <- paste0("https://raw.githubusercontent.com/mgtagle/",
               "202_Analisis_Estadistico_2020/master/cuadro1.csv")
inventario <- read_csv(file)
```

```
## `curl` package not installed, falling back to using `url()`  
## Rows: 50 Columns: 7  
## — Column specification —————  
## Delimiter: ","  
## chr (2): Especie, Clase  
## dbl (5): Arbol, Fecha, Vecinos, Diametro, Altura  
##  
## i Use `spec()` to retrieve the full column specification for this data.  
## i Specify the column types or set `show_col_types = FALSE` to quiet this message.
```

```
# Parte 2: Operaciones con La base de datos
```

```
# media  
mean(trees$dbh)
```

```
## [1] 15.64333
```

```
## [1] 15.64333  
#Este signo $ informa que elegimos la columna dbh  
  
#desviación estándar  
sd(trees$dbh)
```

```
## [1] 7.448892
```

```
#Selección mediante restricciones
```

```
#igual o mayor (>=), mayor que (>), igual que (==)  
#igual o menor (<=), menor que (<), no igual (!=)
```

```
# Indica la sumatoria de los individuos en el objeto trees con un dbh < a 10  
sum(trees$dbh < 10)
```

```
## [1] 8
```

```
which(trees$dbh < 10)
```

```
## [1] 6 8 9 13 19 21 22 24
```

```
#Símbolo ! indica NO  
trees.13 <- trees[!(trees$parcela=="2"),]  
trees.13
```

```
## [1] Trees dbh
## <0 rows> (or 0-length row.names)
```

```
#Selección de una submuestra
```

```
trees.1 <- subset(trees, dbh <= 10)
head(trees.1)
```

```
##      Trees dbh
## 6         6 8.1
## 8         8 5.4
## 9         9 5.7
## 13        13 7.7
## 16        16 10.0
## 19        19 7.8
```

```
#BDD 1
mean(trees$dbh)
```

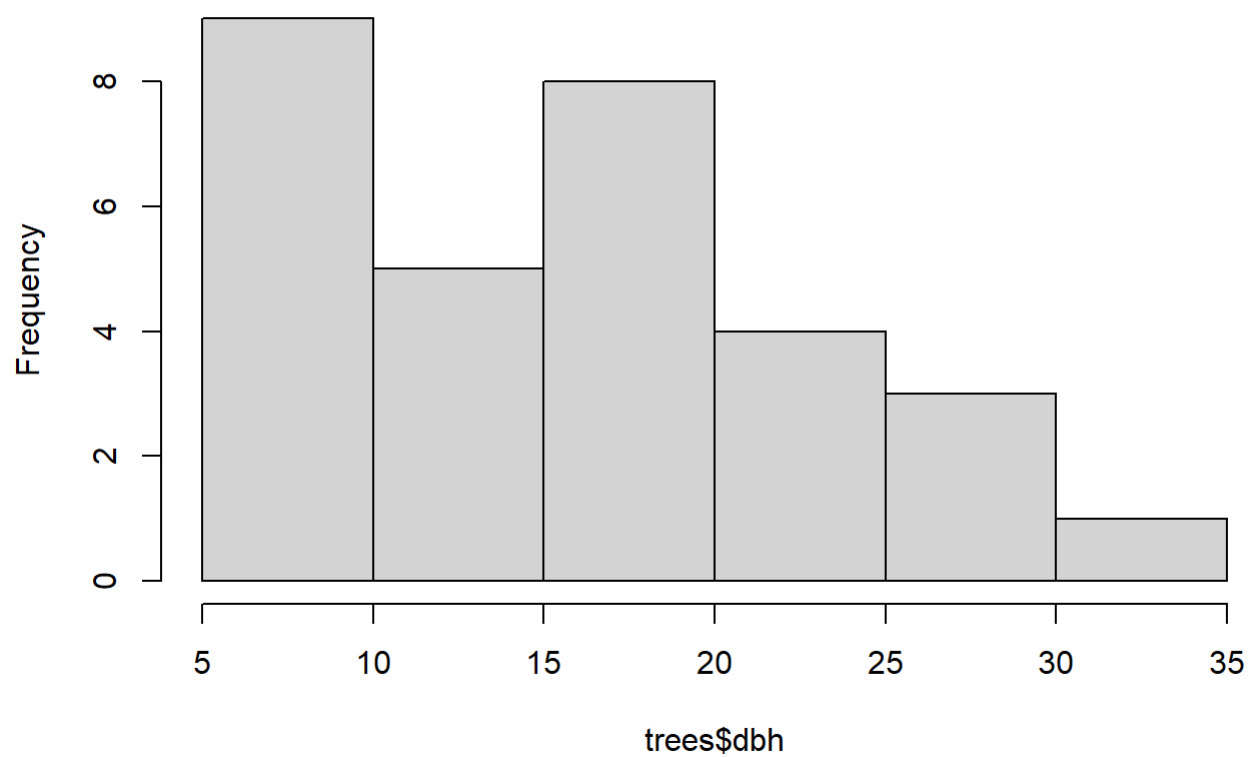
```
## [1] 15.64333
```

```
#BDD 2
mean(trees.1$dbh)
```

```
## [1] 7.677778
```

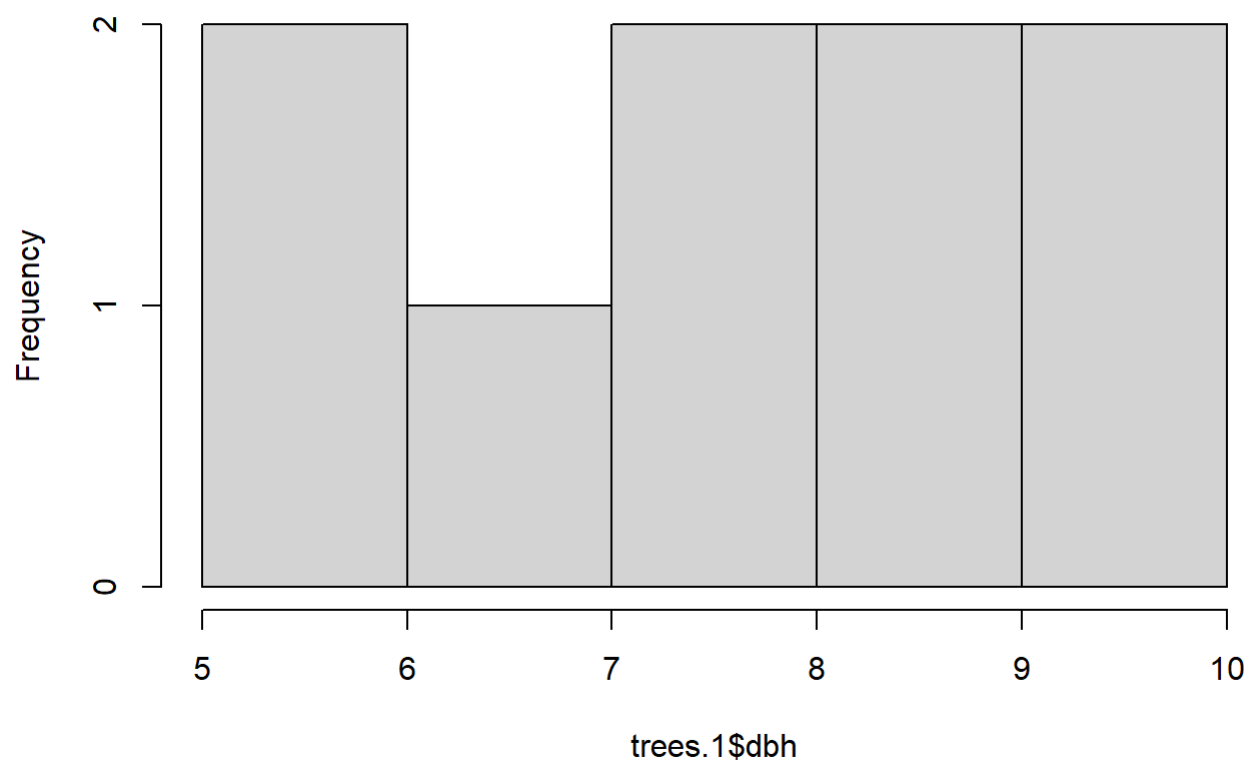
```
hist(trees$dbh)
```

Histogram of trees\$dbh



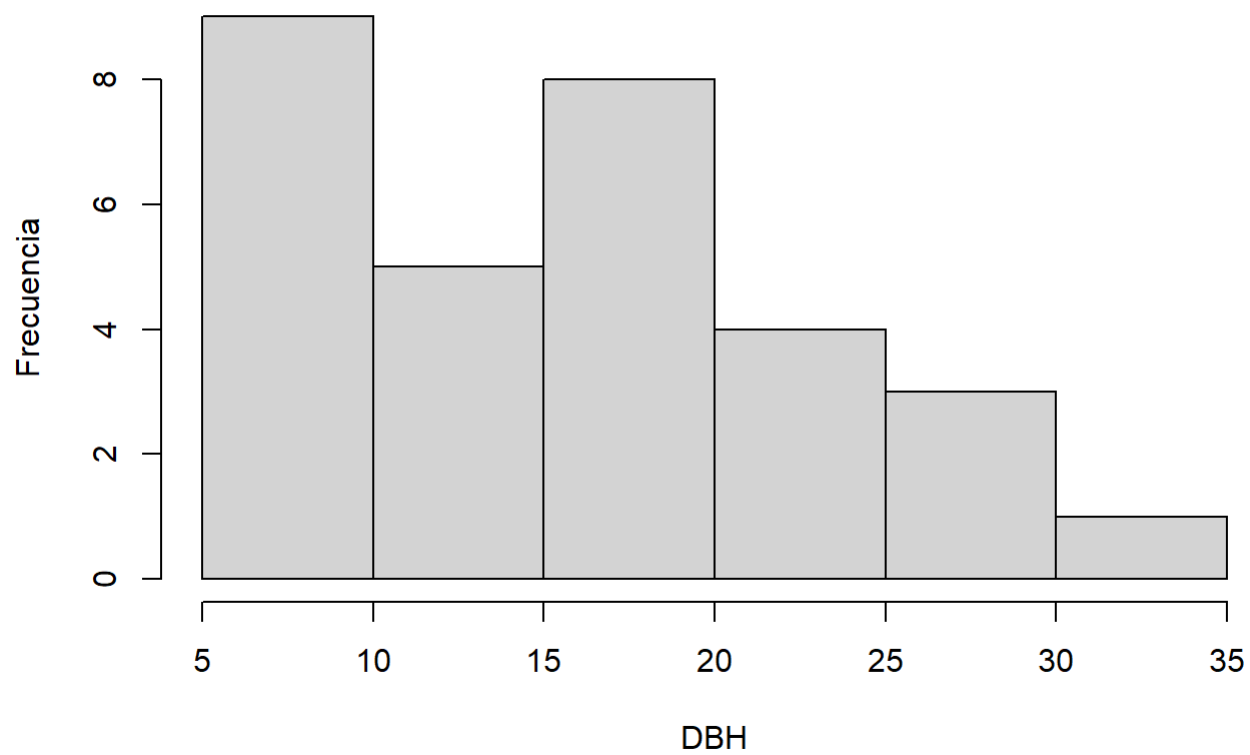
```
hist(trees.1$dbh)
```

Histogram of trees.1\$dbh

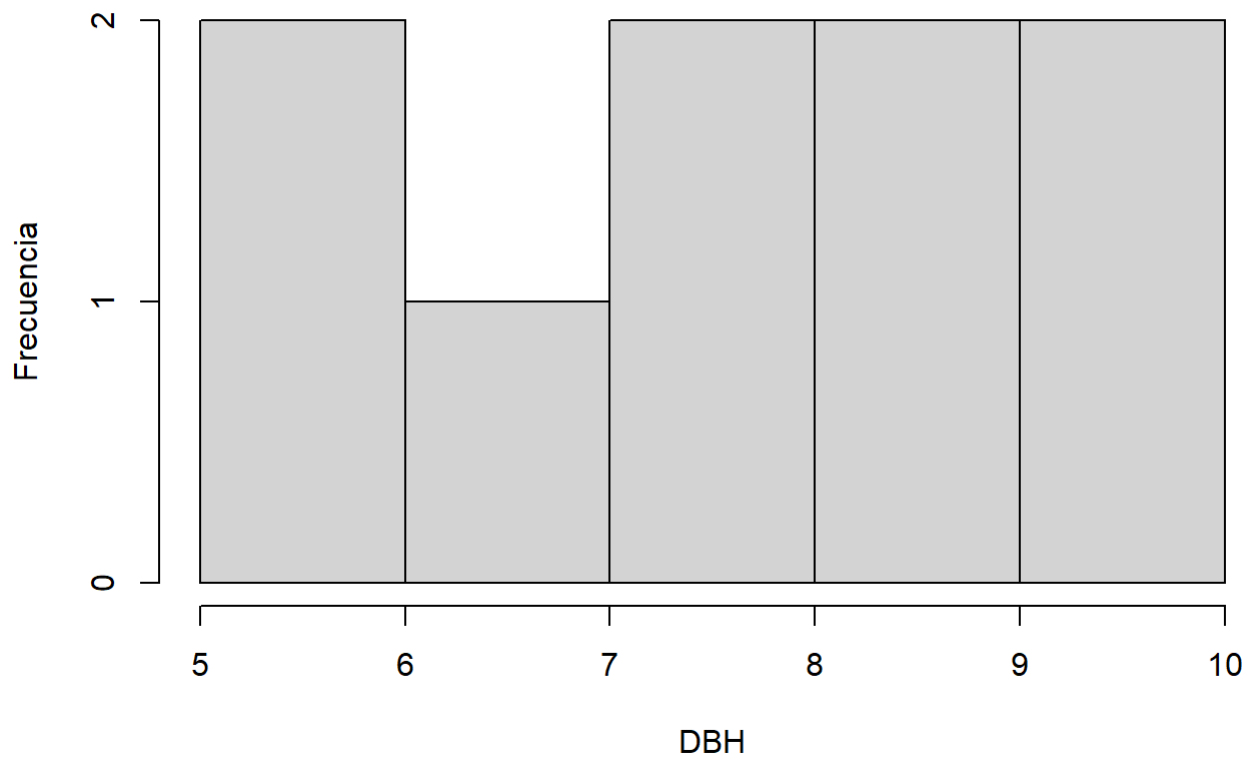


```
hist(trees$dbh, ylab = "Frecuencia", xlab = "DBH", main = "Muestra orinal trees")
```

Muestra orinal trees



```
hist(trees.1$dbh, ylab = "Frecuencia", xlab = "DBH", main = "dbh < 10 cm. trees.1")
```

dbh < 10 cm. trees.1

```
# PARTE 3. REPRESENTACIÓN GRAFICA
```

```
#HISTOGRAMAS
```

```
mamiferos <- read.csv("https://www.openintro.org/data/csv/mammals.csv")
head(mamiferos)
```

```
##           species  body_wt brain_wt non_dreaming dreaming total_sleep
## 1  Africanelephant 6654.000  5712.0          NA        NA          3.3
## 2 Africangiantpouchedrat  1.000    6.6          6.3        2.0          8.3
## 3      ArcticFox    3.385   44.5          NA        NA         12.5
## 4 Arcticgroundsquirrel  0.920    5.7          NA        NA         16.5
## 5   Asianelephant 2547.000  4603.0          2.1        1.8          3.9
## 6       Baboon   10.550   179.5          9.1        0.7          9.8
##  life_span gestation predation exposure danger
## 1    38.6      645        3         5        3
## 2     4.5       42        3         1        3
## 3    14.0       60        1         1        1
## 4     NA       25        5         2        3
## 5    69.0      624        3         5        4
## 6    27.0      180        4         4        4
```



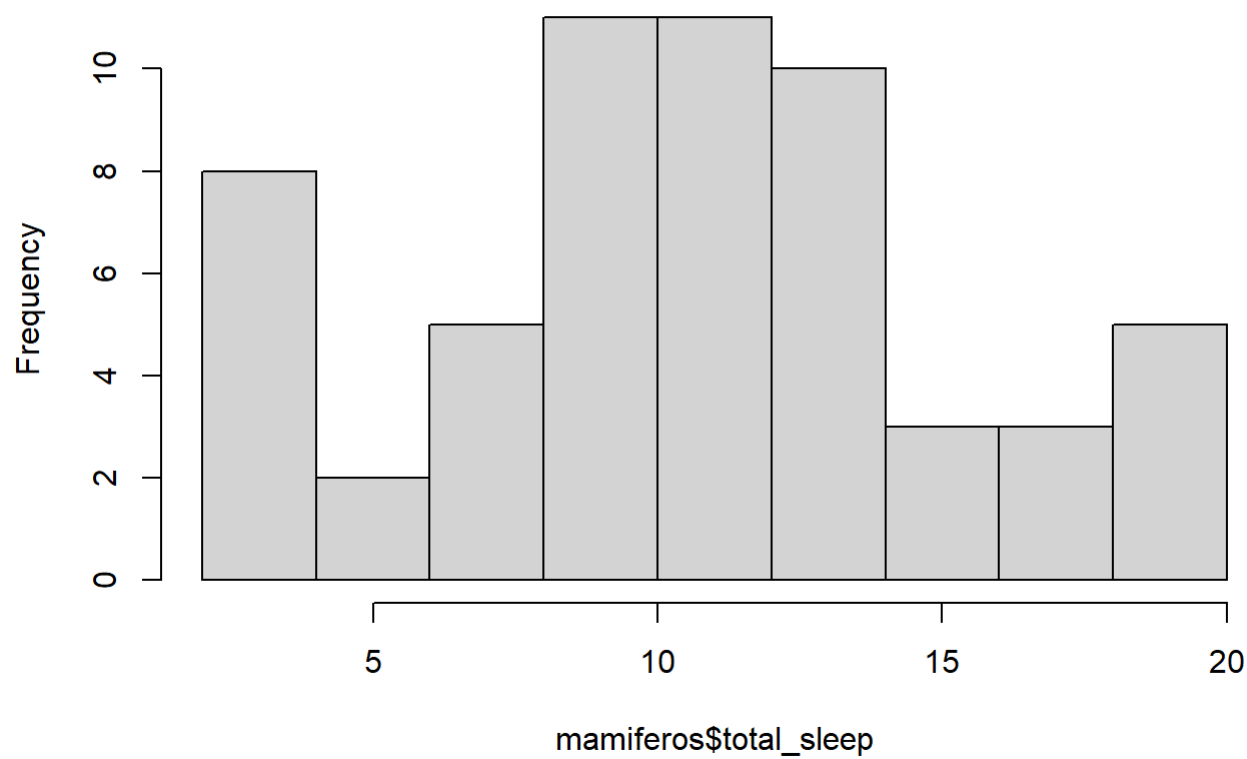
```
#Variable total_sleep para generar el histograma
```

```
hist(mamiferos$total_sleep)
```

```
#HISTOGRAMA PRESENTABLE
```

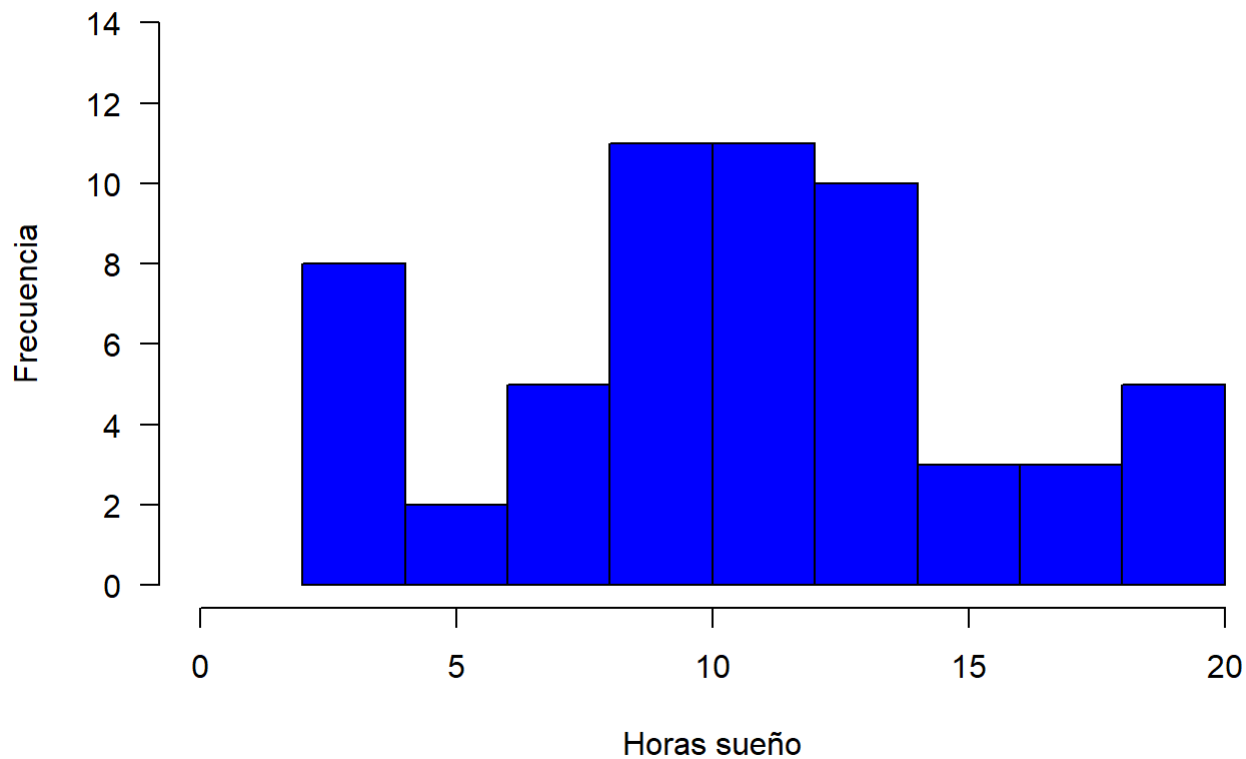
```
hist(mamiferos$total_sleep)
```

Histogram of mamiferos\$total_sleep



```
hist(mamiferos$total_sleep, #datos
      xlim = c(0,20), ylim = c(0,14), main = "Total de horas sueño de las 39 especies", #cambiar
      titulo
      xlab = "Horas sueño", #cambiar eje de las x
      ylab = "Frecuencia", #cambiar eje de las y
      las = 1, #cambiar orientacion de y
      col = "BLUE") #cambiar color a las barras
```

Total de horas sueño de las 39 especies



#Barplot o gráfico de barras: Un diagrama de barras (o gráfico de barras) es uno de los tipos de gráficos más comunes. Muestra la relación entre una variable numérica y una categórica.

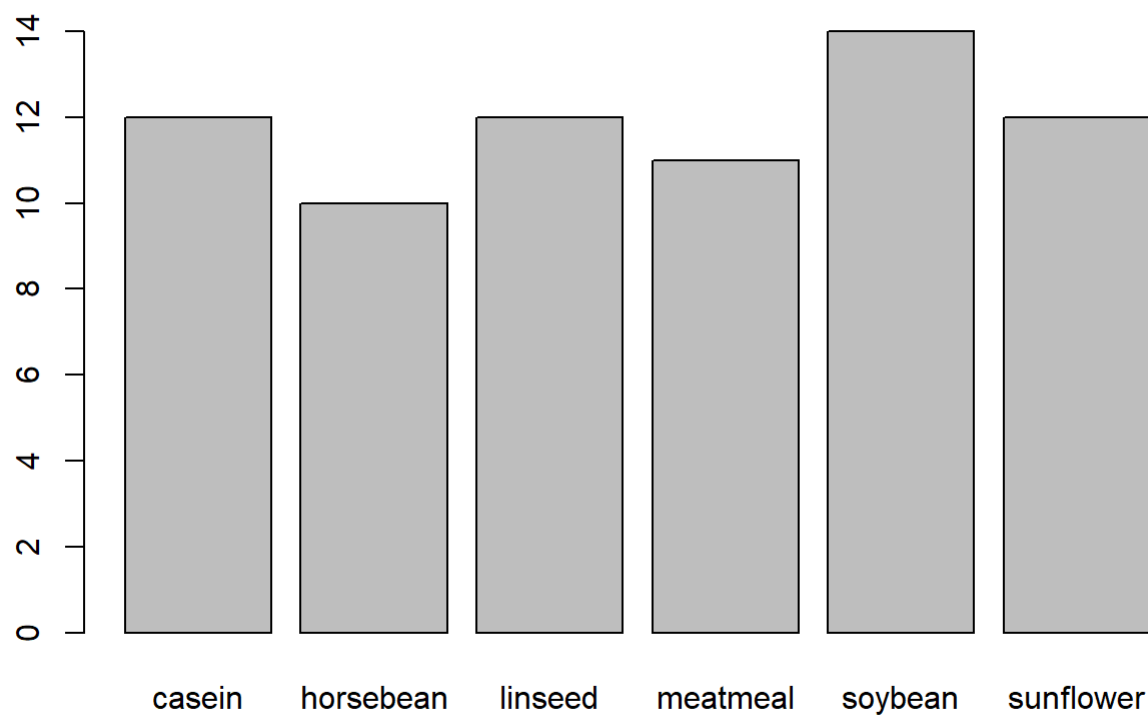
```
data("chickwts")
head(chickwts[c(1:2,42:43, 62:64), ])
```

```
##      weight      feed
## 1      179 horsebean
## 2      160 horsebean
## 42     226 sunflower
## 43     320 sunflower
## 62     379   casein
## 63     260   casein
```

```
#Acomodar los datos en columna
feeds <- table(chickwts$feed)
feeds
```

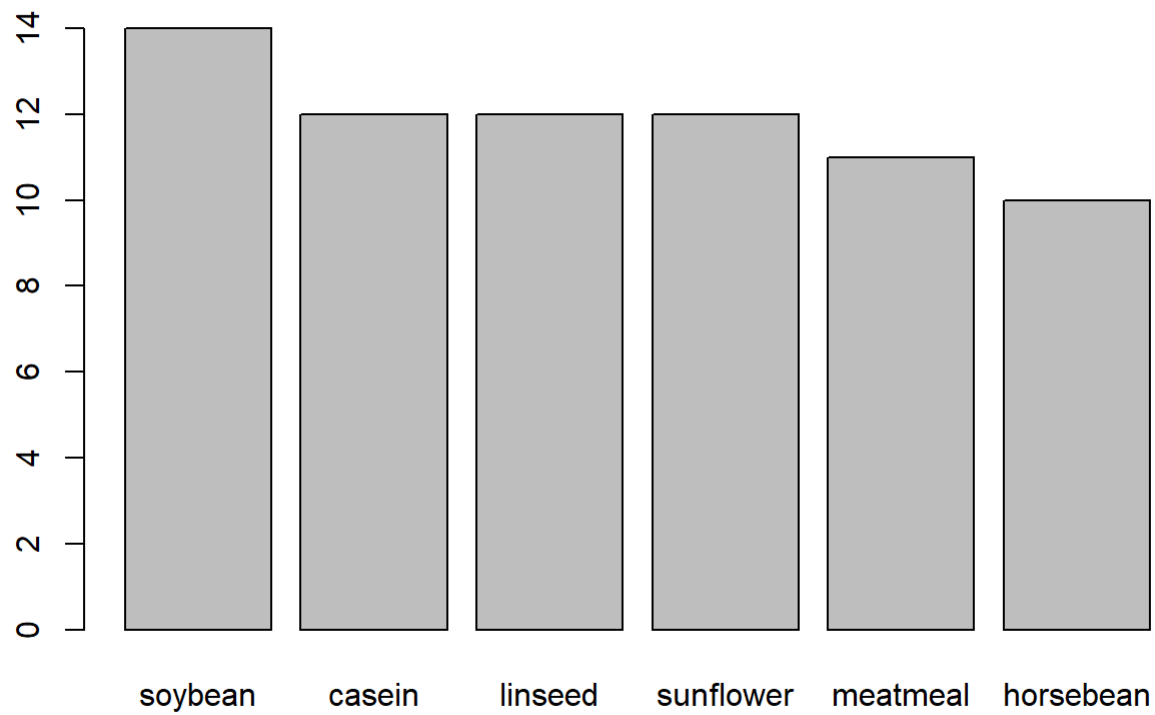
```
##
## casein horsebean linseed meatmeal soybean sunflower
##      12        10        12         11         14         12
```

```
barplot(feeds)
```



```
#Ordenar de forma decreciente
```

```
barplot(feeds[order(feeds, decreasing = TRUE)])
```



#y darle presentacion a la grafica

```
barplot(feeds[order(feeds, decreasing = FALSE)], main = "Frecuencias por tipos de
alimento",
        xlab = "Cantidad de pollos",
        las=1,
        col= "yellow",
        horiz = TRUE)
```

