

# Introducción a la Programación

Guía de estudio - Lic. en Estadística - FCEyE - UNR

Mgs. Lic. Marcos Prunello (Prof. Tit. Ord.)

2021-07-24

# Índice general

<b>1 Introducción a la Programación</b>	<b>5</b>
1.1 Qué es la programación	5
1.2 Una breve reseña histórica sobre la programación	5
1.3 Software y hardware	9
1.4 Problemas, algoritmos y lenguajes de programación	11
1.5 Errores de programación	15
1.6 Procesador, ambiente y acciones	17
1.7 R y RStudio	18
1.8 Guía de estilo	21
<b>2 Objetos y operadores</b>	<b>23</b>
2.1 Objetos	23
2.2 Operadores	26
2.3 Entrada y salida de información	31
2.4 Directorio de trabajo	32
<b>3 Estructuras de control</b>	<b>35</b>
3.1 Estructuras de control secuenciales	35
3.2 Estructuras de control condicionales	35
3.3 Estructuras de control iterativas	38
3.4 Ejemplos	42
<b>4 Descomposición algorítmica</b>	<b>45</b>
4.1 Tipos de subalgoritmos	45
4.2 Funciones	46
4.3 Funciones en R	48
4.4 Documentación de los subalgoritmos	53
4.5 Pasaje de parámetros	55
4.6 Ámbito de las variables	57
4.7 Otros tópicos de lectura opcional	61
<b>5 Estructuras de Datos</b>	<b>67</b>
5.1 Arreglos	67
5.2 Listas	80
5.3 Elementos con nombre (lectura opcional)	85
5.4 Otras consideraciones (lectura opcional)	88
<b>6 Uso de archivos de datos</b>	<b>89</b>
6.1 Registros, campos, claves y bases de datos	89
6.2 Organización de archivos	90
6.3 Operaciones sobre archivos	91
6.4 Ejemplo	93
6.5 Creación de archivos y escritura de resultados	105
<b>7 Otros tópicos</b>	<b>109</b>
7.1 Más funciones predefinidas	109

7.2 Operaciones vectorizadas . . . . .	111
7.3 Indexación de vectores, matrices y data.frames . . . . .	116
7.4 Generación de secuencias . . . . .	119
7.5 Resolución alternativa de un ejercicio . . . . .	120
7.6 La consola . . . . .	125
7.7 Otros . . . . .	129
<b>Bibliografía . . . . .</b>	<b>131</b>

## BIENVENIDA

¡Les damos la bienvenida a la asignatura Introducción a la Programación en la Facultad de Ciencias Económicas y Estadística, Universidad Nacional de Rosario! La presente guía resume los conceptos más importantes que vamos a desarrollar. La misma irá siendo revisada, completada y actualizada a lo largo del cuatrimestre y no está exenta de presentar errores o expresar ideas que puedan ser mejoradas. Avisanos si encontrás algo que deba ser cambiado. ¡Esperamos que juntos podamos pasarla bien al dar nuestros primeros pasos en la programación!

Este material fue escrito por el Mgs. Lic. Marcos Prunello (profesor titular) y revisado por los integrantes de la cátedra, Tec. César Mignoni y Lic. Maite San Martín.

**NOTA:** La versión en PDF no es revisada en cuanto a su configuración, por lo tanto es probable que se encuentren páginas con espacios en blanco, tablas con filas cortadas, figuras muy grandes, etc. El archivo PDF es generado sin revisar su estado final, pero el texto es el mismo que la versión online (<https://mpru.github.io/introprog>)

## Unidad 1

# Introducción a la Programación

### 1.1. Qué es la programación

Las computadoras son una parte esencial de nuestra vida cotidiana. Casi todos los aparatos que usamos tienen algún tipo de computadora capaz de ejecutar ciertas tareas: lavarropas con distintos modos de lavado, consolas de juegos para momentos de entretenimiento, calculadoras súper potentes, computadoras personales que se usan para un montón de propósitos, teléfonos celulares con un sinfín de aplicaciones y miles de cosas más.

Todos estos dispositivos con computadoras de distinto tipo tienen algo en común: alguien “les dice” cómo funcionar, es decir, les indica cuáles son los pasos que deben seguir para cumplir una tarea. De eso se trata la *programación*: es la actividad mediante la cual las *personas* le entregan a una *computadora* un conjunto de instrucciones para que, al ejecutarlas, ésta pueda *resolver un problema*. Quienes realizan esta actividad reciben el nombre de *programadores*. Sin las personas que las programen, las computadoras dejarán de ser útiles, por más complejos que sean estos aparatos. Los conjuntos de instrucciones que reciben las computadoras reciben el nombre de *programas*.

La programación es un proceso creativo: en muchas ocasiones la tarea en cuestión puede cumplirse siguiendo distintos caminos y el programador es el que debe imaginar cuáles son y elegir uno. Algunos de estos caminos pueden ser mejores que otros, pero en cualquier caso la computadora se limitará a seguir las instrucciones ideadas por el programador.

Desafortunadamente, las computadoras no entienden español ni otro idioma humano. Hay que pasarles las instrucciones en un lenguaje que sean capaces de entender. Para eso debemos aprender algún *lenguaje de programación*, que no es más que un lenguaje artificial compuesto por una serie de expresiones que la computadora puede interpretar. Las computadoras interpretan nuestras instrucciones de forma muy literal, por lo tanto a la hora de programar hay que ser muy específicos. Es necesario respetar las reglas del lenguaje de programación y ser claros en las indicaciones provistas.

Ahora bien, ¿por qué debemos estudiar programación en la Licenciatura en Estadística? La actividad de los profesionales estadísticos está atravesada en su totalidad por la necesidad de manejar con soltura herramientas informáticas que nos asisten en las distintas etapas de nuestra labor, desde la recolección y depuración de conjuntos de datos, pasando por la aplicación de distintas metodologías de análisis, hasta la comunicación efectiva de los resultados. Por eso, en la asignatura *Introducción a la Programación* estudiaremos los conceptos básicos de esta disciplina, fomentando la ejercitación del pensamiento abstracto y lógico necesario para poder entendernos hábilmente con la computadora y lograr que la misma realice las tareas que necesitamos.

Para poner en práctica los conceptos sobre Programación que aprenderemos, vamos a emplear un lenguaje que ha sido desarrollado específicamente para realizar tareas estadísticas, llamado *R*. Sin embargo, debemos resaltar que éste no es un curso sobre *R*, es decir, no nos dedicaremos a aprender las herramientas que este lenguaje brinda para el análisis de datos. De hecho, frente a variados problemas vamos a dedicarnos a crear soluciones que ya existen y están disponibles en *R*, pero lo haremos con el fin de utilizar dicho lenguaje para aprender y ejercitarse en nociones básicas de programación.

### 1.2. Una breve reseña histórica sobre la programación

La historia de la programación está vinculada directamente con la de la computación. Esta palabra proviene del latín *computatio*, que deriva del verbo *computare*, cuyo significado es “enumerar cantidades”. Computación, en este

sentido, designa la acción y efecto de computar, realizar una cuenta, un cálculo matemático. De allí que antiguamente computación fuese un término usado para referirse a los cálculos realizados por una persona con un instrumento expresamente utilizado para tal fin (como el ábaco, por ejemplo) o sin él. En este sentido, la computación ha estado presente desde tiempos ancestrales, sin embargo debemos remontarnos al siglo XVII para encontrar los primeros dispositivos diseñados para automatizar cómputos matemáticos.

En 1617 el matemático escocés John Napier (el mismo que definió los logaritmos) inventó un sistema conocido como *los huesos de Napier* o *huesos neperianos* que facilitaba la tarea de multiplicar, dividir y tomar raíces cuadradas, usando unas barras de hueso o marfil que tenían dígitos grabados. Esta fue la base para otras ideas más avanzadas, entre ellas la que dio origen a la primera calculadora mecánica, inventada por el alemán Wilhelm Schickard en 1623, capaz de realizar cálculos aritméticos sencillos funcionando a base de ruedas y engranajes. Se componía de dos mecanismos diferenciados, un ábaco de Napier de forma cilíndrica en la parte superior y un mecanismo en la inferior para realizar sumas parciales de los resultados obtenidos con el aparato de la parte superior. Fue llamado *reloj calculador*. A partir de aquí se fueron desarrollando otros modelos, todos ellos teniendo en común el hecho de ser puramente mecánicos, sin motores ni otras fuentes de energía. El operador ingresaba números ubicando ruedas de metal en posiciones particulares y al girarlas otras partes de la máquina se movían y mostraban el resultado. Algunos ejemplos son las calculadoras del inglés William Oughtred en 1624, de Blaise Pascal en 1645 (llamada *pascalina*), la de Samuel Morland en 1666 y las de Leibniz, en 1673 y 1694.



Figura 1.1: De izquierda a derecha: los huesos de Napier (Museo Arqueológico Nacional de España), el reloj calculador de Schickard (Museo de la Ciencia de la Universidad Pública de Navarra) y una pascalina del año 1952

El siglo XVIII trajo consigo algunos otros diseños, pero un gran salto se dio a comienzos del siglo XIX de mano de un tejedor y comerciante francés, Joseph Jacquard. En 1801 creó un telar que tenía un sistema de tarjetas perforadas para controlar las puntadas del tejido, de forma que fuera posible *programar* una gran diversidad de tramas y figuras. Sin saberlo, Jacquard sentó una idea fundamental para la creación de las computadoras.



Figura 1.2: Un telar de Jacquard y sus tarjetas perforadas en el Museo de la ciencia y la industria en Mánchester.

En 1822 el matemático británico Charles Babbage publicó un diseño para la construcción de una *máquina diferencial*, que podía calcular valores de funciones polinómicas mediante el método de las diferencias. Este complejo sistema de ruedas y engranajes era el primero que podía trabajar automáticamente utilizando resultados de operaciones

previas. Si bien el diseño era viable, por motivos técnicos y económicos no lo pudo concretar (sólo construyó un modelo de menor escala). Sin embargo, Babbage no se dio por vencido y en 1837 presentó el diseño de una *máquina analítica*, un aparato capaz de ejecutar cualquier tipo de cálculo matemático y que, por lo tanto, se podría utilizar con cualquier propósito. Tal como el telar de Jacquard, la operación de esta máquina sería controlada por un patrón de perforaciones hechas sobre una tarjetas que la misma podría leer. Al cambiar el patrón de las perforaciones, se podría cambiar el comportamiento de la máquina para que resuelva diferentes tipos de cálculos. Para la salida de resultados, la máquina sería capaz de perforar tarjetas. Además, funcionaría con un motor a vapor y su tamaño hubiese sido de 30 metros de largo por 10 de ancho. Si bien Babbage tampoco llegó a concretar en vida este diseño que dejó plasmado en más de 300 dibujos y 2200 páginas por motivos políticos, se lo considera como la primera conceptualización de lo que hoy conocemos como computadora, por lo cual Babbage es conocido como *el padre de la computación*.

En 1843 Lady Ada Lovelace, una matemática y escritora británica, publicó una serie de notas sobre la máquina analítica de Babbage, en las que resaltaba sus potenciales aplicaciones prácticas, incluyendo la descripción detallada de tarjetas perforadas para que sea capaz de calcular los números de Bernoulli. Al haber señalado los pasos para que la máquina pueda cumplir con estas y otras tareas, Ada es considerada actualmente como la primera programadora del mundo, a pesar de que en la época no fue tomada en serio por la comunidad científica, principalmente por su condición de mujer.



Figura 1.3: Charles Babbage, Ada Lovelace y el algoritmo que publicó Ada para calcular los números de Bernoulli con la máquina analítica de Charles.

La utilidad de las tarjetas perforadas quedó confirmada en 1890, cuando Herman Hollerith las utilizó para automatizar la tabulación de datos en el censo de Estados Unidos. Las perforaciones en determinados lugares representaban información como el sexo o la edad de las personas, logrando que se pudieran lograr clasificaciones y conteos de forma muy veloz. Así, se tardaron sólo 3 años en procesar la información del censo, cinco años menos que en el anterior de 1880. Con el fin de comercializar esta tecnología, Hollerith fundó una compañía que terminaría siendo la famosa International Business Machine (IBM), empresa líder en informática hasta el día de hoy.

Sin embargo, la visión de Babbage de una computadora programable no se hizo realidad hasta los años 1940, cuando el advenimiento de la electrónica hizo posible superar a los dispositivos mecánicos existentes. John Atanasoff y Clifford Barry (Iowa State College, Estados Unidos) terminaron en 1942 en Iowa State College (Estados Unidos) una computadora electrónica capaz de resolver sistemas de ecuaciones lineales simultáneas, llamada *ABC* (por “Atanasoff Berry Computer”). La misma contaba con 300 tubos de vacío, unas bombillas de vidrio con ciertos componentes que podían recibir y modificar una señal eléctrica mediante el control del movimiento de los electrones produciendo una respuesta, que habían sido presentados por primera vez en 1906 por el estadounidense Lee De Forest. La *ABC* dio comienzo a la conocida como la *primera generación de computadoras* basadas en el empleo de tubos de vacío.

La primera computadora electrónica de propósito general fue la *ENIAC*, *Electronic Numerical Integrator and Computer*, completada por Presper Eckert y John Mauchly en la Universidad de Pensilvania. Podía realizar cinco mil operaciones aritmética por segundo y tenía más de 18000 tubos de vacío, ocupando una sala de 9x15 metros en un sótano de la universidad donde se montó un sistema de aire acondicionado especial.

Ni la *ABC* ni la *ENIAC* eran reprogramables: la *ABC* servía el propósito específico de resolver sistemas de ecuaciones

y la *ENIAC* era controlada conectando ciertos cables en un panel, lo que hacía muy compleja su programación. El siguiente gran avance se produjo en 1945, cuando el matemático húngaro-estadounidense John von Neumann (Universidad de Princeton) propuso que los programas, es decir, las instrucciones para que la máquina opere, y también los datos necesarios, podrían ser representados y guardados en una memoria electrónica interna. Así nació el concepto de *programa almacenado* (o *stored-program*), en contraposición con el uso de tableros de conexiones y mecanismos similares de los modelos vigentes. Los creadores de la ENIAC, bajo la consultoría de von Neumann, implementaron esto en el diseño de su sucesora, la *EDVAC*, terminada en 1949. También ya había experimentado con esta idea el alemán Konrad Zuse, quien entre 1937 y 1941 desarrolló la *Z3*, por lo cual es considerada por algunos como la primera máquina completamente automática y programable. En lugar de usar tubos de vacío, empleaba un conjunto de 2600 relés, unos dispositivos electromagnéticos inventados en 1835 y empleados, por ejemplo, en telegrafía. El modelo original de la *Z3* fue destruido en Berlín por un bombardeo durante la segunda guerra mundial.

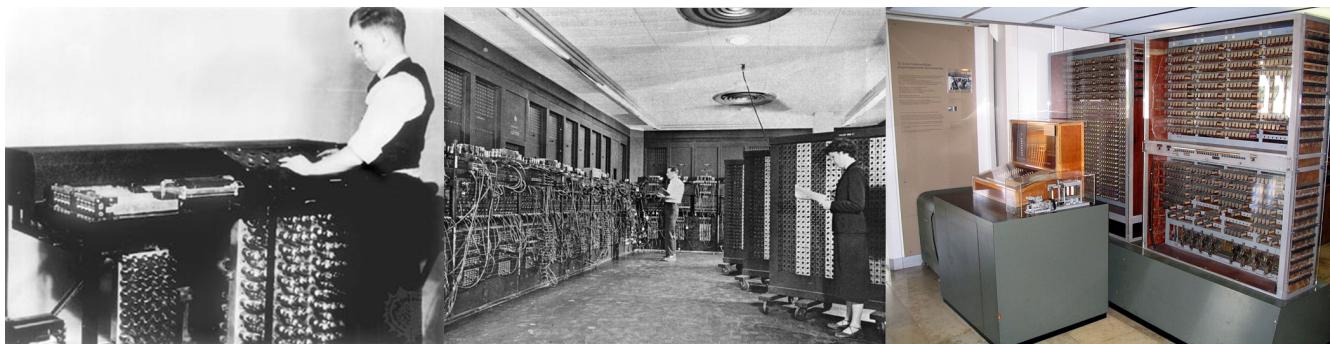


Figura 1.4: De izquierda a derecha: las computadoras ABC, ENIAC y Z3

Este nuevo paradigma cambió la historia de la computación, como también lo hizo la invención del *transistor* en 1947 en los Laboratorios Bell. Un *transistor* es un dispositivo electrónico semiconductor que entrega una señal de salida en respuesta a una señal de entrada, mucho más pequeño que los tubos de vacío y que consumen menos energía eléctrica. Así, una computadora podía tener cientos de miles de transistores, no obstante ocupando mucho espacio.

Desde entonces, la computación ha evolucionado muy rápidamente, con la introducción de nuevos sistemas y conceptos, que llegan a los complejos y poderosos diseños electrónicos que caracterizan la vida actual. En un intento de caracterizar y resumir esta impactante evolución, algunos historiadores dividen al desarrollo de las computadoras modernas en “generaciones” (esta clasificación no es única y existen diversas versiones de la misma):

- *Primera generación* (aprox. 1940-1958): se trata de las computadoras electrónicas que usaban tubos de vacío para su circuito interno. Los equipos eran enormes y ocupan habitaciones enteras. Consumían mucha electricidad y generaban demasiado calor. Podía llevar días o semanas modificar las conexiones para hacer que la computadora resuelva un problema diferente. Usaban tarjetas perforadas y cinta de papel para la lectura de datos e impresiones para mostrar las salidas.
- *Segunda generación* (aprox. 1958-1964): se caracteriza por el uso de *transistores* (inventados en 1947) en lugar de tubos de vacío, permitiendo que las computadoras tengan un consumo eléctrico más eficiente, sean más baratas, más pequeñas y más rápidas.
- *Tercera generación* (aprox. 1964-1971): se inició en 1959 con el desarrollo de un circuito integrado (“chip”) que se trata de una pequeña placa de silicio sobre el cual se imprime un gran número de transistores conectados. La primera computadora de este estilo fue de IBM en 1960. Al ser más pequeñas y baratas, su uso llegó a una mayor audiencia. Se pudo interactuar con la máquina mediante teclados, monitores y un sistema operativo, que posibilitaba ejecutar múltiples acciones a la vez bajo el monitoreo de un programa central.
- *Cuarta generación* (aprox. 1971-presente): los avances tecnológicos permitieron construir la unidad entera de procesamiento de una computadora sobre un único chip de silicio (*microprocesador*), incluyendo la memoria y los controles de entrada y salida de datos. Todo lo que en una computadora de la primera generación ocupaba una habitación entera, fue capaz de entrar en la palma de una mano. El primer microprocesador fue el Intel 4004 de 1971, mientras que la primera computadora de uso doméstico fue desarrollada por IBM en 1981. Surgieron también en esta generación el ratón (*mouse*) y las interfaces gráficas de usuario (como Windows, en 1985).



Figura 1.5: De derecha a izquierda: un tubo de vacío, un transistor y un chip.

### 1.3. Software y hardware

Como podemos ver, en la historia de la computación hubo dos aspectos que fueron evolucionando: las máquinas y los programas que las dirigen. Hacemos referencia a estos elementos como *hardware* y *software* respectivamente, y es la conjunción de ambos la que le da vida a la computación y hace posible la programación.



Figura 1.6: Representación de la diferencia entre hardware y software.

El *hardware* es el conjunto de piezas físicas y tangibles de la computadora. Existen diversas formas de clasificar a los elementos que componen al hardware, según distintos criterios:

Cuadro 1.1: Clasificación del hardware.

Criterio	Clasificación	Descripción	Ejemplos
Según su utilidad	Dispositivos de procesamiento	Son los que reciben las instrucciones mediante señales eléctricas y usan cálculos y lógica para interpretarlas y emitir otras señales eléctricas como resultado.	microprocesador, tarjeta gráfica, tarjeta de sonido, etc.
	Dispositivos de almacenamiento	Son capaces de guardar información para que esté disponible para el sistema.	disco duro, pen drive, DVD, etc.
	Dispositivos de entrada	Captan instrucciones por parte de los usuarios y las transforman en señales eléctricas interpretables por la máquina.	teclado, mouse, touch pad, etc.
	Dispositivos de salida	Transforman los resultados de los dispositivos de procesamiento para presentarlos de una forma fácilmente interpretable para el usuario.	monitor, impresora, etc
Según su ubicación	Dispositivos internos	Generalmente se incluye dentro de la carcasa de la computadora.	microprocesador, disco rígido, ventiladores, módem, tarjeta gráfica, fuente de alimentación, puertos, etc.
	Dispositivos externos o periféricos	No se incluye dentro de la carcasa de la computadora y está al alcance del usuario	monitor, teclado, mouse, joystick, micrófono, impresora, escáner, pen drive, lectores de código de barras, etc.
Según su importancia	Hardware principal	Dispositivos esenciales para el funcionamiento de la computadora	microprocesador, disco rígido, memoria RAM, fuente de alimentación, monitor, etc.
	Hardware complementario	Aquellos elementos no indispensables (claramente, dependiendo del contexto, alguna pieza del hardware que en alguna situación podría considerarse complementaria, en otras resulta principal).	

Por otro lado tenemos al *software*, que es el conjunto de todos los programas (es decir, todas las instrucciones que recibe la computadora) que permiten que el hardware funcione y que se pueda concretar la ejecución de las tareas. No tiene una existencia física, sino que es intangible. El software se puede clasificar de la siguiente forma:

Cuadro 1.2: Clasificación del software.

Clasificación	Descripción	Ejemplos
Software de sistema o software base	Son los programas informáticos que están escritos en lenguaje de bajo nivel como el de máquina o ensamblador y cuyas instrucciones controlan de forma directa el hardware	BIOS o UEFIs (sistemas que se encargan de operaciones básicas como el arranque del sistema, la configuración del hardware, etc), sistemas operativos (Linux, Windows, iOS, Android), controladores o *drivers*, etc.
Software de aplicación o utilitario	Son los programas o aplicaciones que usamos habitualmente para realizar alguna tarea específica.	procesadores de texto como Word, reproductor de música, Whatsapp, Guarani, navegadores web, juegos, etc.
Software de programación o de desarrollo	Son los programas y entornos que nos permiten desarrollar nuestras propias herramientas de software o nuevos programas. Aquí se incluyen los lenguajes de programación	C++, Java, Python, R, etc.

## 1.4. Problemas, algoritmos y lenguajes de programación

Mencionamos anteriormente que la *programación* consistía en instruir a una computadora para que resuelva un problema y que la comunicación de esas instrucciones debe ser realizada de forma clara. Es por eso que, ante un problema que debe ser resuelto computacionalmente, el primer paso es pensar detalladamente cuál puede ser una forma de resolverlo, es decir, crear un *algoritmo*. Un *algoritmo* es una estrategia consistente de un conjunto ordenado de pasos que nos lleva a la solución de un problema o alcance de un objetivo. Luego, hay que traducir el algoritmo elegido al idioma de la computadora.

Entonces, podemos decir que la resolución computacional de un problema consiste de dos etapas básicas:

1. *Diseño algorítmico*: desarrollar un algoritmo, o elegir uno existente, que resuelva el problema.
2. *Codificación*: expresar un algoritmo en un lenguaje de programación para que la computadora lo pueda interpretar y ejecutar.

Al aprender sobre programación, comenzamos enfrentándonos a problemas simples para los cuales la primera etapa parece sencilla, mientras que la codificación se torna difícil ya que hay que aprender las reglas del lenguaje de programación. Sin embargo, mientras que con práctica rápidamente podemos ganar facilidad para la escritura de código, el diseño algorítmico se torna cada vez más desafiante al encarar problemas más complejos. Es por eso que haremos hincapié en el planteo y desarrollo de algoritmos como una etapa fundamental en la programación.

### 1.4.1. El diseño algorítmico

Cotidianamente, hacemos uso de algoritmos para llevar adelante casi todas las actividades que realizamos: preparar el desayuno, sacar a pasear la mascota, poner en la tele un servicio de *streaming* para ver una película, etc. Cada una de estas tareas requiere llevar adelante algunas acciones de forma ordenada, aunque no hagamos un listado de las mismas y procedamos casi sin pensar.

Sin embargo, cuando estamos pensando la solución para un problema que va a resolver una computadora, debemos ser claros y concretos, para asegurarnos de que al seguir los pasos del algoritmo se llegue a la solución y para que quien tenga que codificarlo, nosotros mismos u otras personas, lo pueda entender sin problemas. Por eso, el primer paso es idear un algoritmo para su solución y expresarlo por escrito, por ejemplo, en español, pero adaptando el lenguaje humano a formas lógicas que se acerquen a las tareas que puede realizar una computadora. En programación, el lenguaje artificial e informal que usan los desarrolladores en la confección de algoritmos recibe el nombre de *pseudocódigo*. Es la herramienta que utilizamos para describir los algoritmos mezclando el lenguaje común con instrucciones de programación. No es en sí mismo un lenguaje de programación, es decir, la computadora no es capaz de entenderlo, sino que el objetivo del mismo es que el programador se centre en la solución lógica y luego lo utilice como guía al escribir el programa.

El pseudocódigo, como cualquier otro lenguaje, está compuesto por:

- Un *léxico*: conjunto de palabras o frases válidas para escribir las instrucciones.

- Una *sintaxis*: reglas que establecen cómo se pueden combinar las distintas partes.
- Una *semántica*: significado que se les da a las palabras o frases.

El pseudocódigo sigue una *estructura secuencial*: define una acción o instrucción que sigue a otra en secuencia. Esta estructura puede representarse de la siguiente forma:

**ALGORITMO: "Ejemplo"**

COMENZAR

    Acción 1

    Acción 2

    ...

    Acción N

FIN

Se comienza con un título que describa el problema que el algoritmo resuelve, seguido por la palabra COMENZAR. Luego se detallan las acciones o instrucciones a seguir y se concluye con la palabra FIN. Por ejemplo, si nuestro problema es poner en marcha un auto, el algoritmo para resolverlo puede ser expresado mediante el siguiente pseudocódigo:

**ALGORITMO: "Arrancar el auto"**

COMENZAR

    INSERTAR la llave de contacto

    UBICAR el cambio en punto muerto

    GIRAR la llave hasta la posición de arranque

    SI el motor arranca

        ENTONCES

            DEJAR la llave en posición "encendido"

        SI NO

            LLAMAR al mecánico

    FINSI

FIN

Es importante destacar la presencia de sangrías (*sangrado*) en el ejemplo anterior, que facilitan la lectura.

Los algoritmos suelen ser representados también mediante *diagramas de flujo*, como el que se muestra en la siguiente figura<sup>1</sup>.

#### 1.4.2. Codificación

El algoritmo anterior está presentado en pseudocódigo utilizando el lenguaje español, una opción razonable para compartir esta estrategia entre personas que se comunicuen con este idioma. Claramente, si queremos presentarle nuestro algoritmo a alguien que sólo habla francés, el español ya no sería una buena elección, y mucho menos si queremos presentarle el algoritmo a una computadora. Para que una computadora pueda entender nuestro algoritmo, debemos traducirlo en un *lenguaje de programación*, que, como dijimos antes, es un idioma artificial diseñado para expresar cálculos que puedan ser llevados a cabo por equipos electrónicos, es decir es un medio de comunicación entre el humano y la máquina.

Si bien hay distintos lenguajes de programación, una computadora en definitiva es un aparato que sólo sabe *hablar* en *binario*, es decir, sólo interpreta señales eléctricas con dos estados posibles, los cuales son representados por los dígitos binarios 0 y 1. Toda instrucción que recibe la computadora se construye mediante una adecuada y larga combinación de ceros y unos<sup>2</sup>. Este sistema de código con ceros y unos que la computadora interpreta como instrucciones o conjuntos de datos se llama *lenguaje de máquina* (o código de máquina).

Programar en lenguaje de máquina es muy complejo y lento, y es fácil cometer errores pero es difícil arreglarlos. Por eso a principios de la década de 1950 se inventaron los *lenguaje ensambladores*, que usan palabras para representar simbólicamente las operaciones que debe realizar la computadora. Cada una de estas palabras reemplaza un código de máquina binario, siendo un poco más fácil programar. Imaginemos que deseamos crear un programa que permita

<sup>1</sup>En este curso no emplearemos diagramas de flujo

<sup>2</sup>Como vimos anteriormente, las computadoras de la primera generación no se manejaban con lenguajes de programación, sino que para introducir información e instrucciones en las primeras computadoras se usaban tarjetas perforadas, en las cuales los orificios representaban un “0” y las posiciones que no los tenían se entendían como un “1”, de modo que la máquina podía operar empleando el sistema binario.



Figura 1.7: Ejemplo del algoritmo .^arrancar el autorepresentado gráficamente con un diagrama de flujo.

sumar dos números elegidos por una persona. La computadora puede hacer esto si se lo comunicamos mediante un mensaje compuesto por una larga cadena de ceros y unos (lenguaje de máquina) que a simple vista no podríamos entender. Sin embargo, escrito en lenguaje de máquina, el programa se vería así (por ejemplo):

```

1 mov ah,01h ;Se guarda 01h en el registro ah
2 int 21h    ;Se llama a la interrupción 21h
3 sub al,30h ;Se resta 30h para obtener el número ingresado
4 mov var1,al ;Se guarda el número ingresado en var1
5 mov ah,01h ;Se guarda 01h en el registro ah
6 int 21h    ;Se llama a la interrupción 21h
7 sub al,30h ;Se resta 30h para obtener el número ingresado
8 add al,var1 ;Se suma var1 y al y el resultado se guarda en el registro al
9 mov dl,al   ;Se guarda el contenido del registro al en el registro dl
10 add dl,30h ;Se suma 30h al registro dl para obtener la suma en ASCII
11 mov ah,02h ;Se guarda 02h en el registro ah
12 int 21h    ;Se llama a la interrupción 21h

```

Figura 1.8: Programa en lenguaje ensamblador para leer dos números, sumarlos y mostrar el resultado. Al final de cada línea hay una descripción de la operación realizada.

El programa que se encarga de traducir esto al código de máquina se llama *ensamblador*. A pesar de que no haya ceros y unos como en el lenguaje de máquina, probablemente el código anterior tampoco sea fácil de entender. Aparecen instrucciones que tal vez podemos interpretar, como *add* por sumar o *sub* por substraer, pero está lleno de cálculos hexadecimales, referencias a posiciones en la memoria de la computadora y movimientos de valores que no lo hacen muy amigable. Por eso, a pesar de que la existencia de los lenguajes ensambladores simplificó mucho la comunicación con la computadora, se hizo necesario desarrollar lenguajes que sean aún más sencillos de usar.

Por ejemplo, con el lenguaje que vamos a aprender, R, el problema de pedirle dos números a una persona y sumarlos se resumen en las siguientes líneas de código:

```
n1 <- scan()
n2 <- scan()
print(n1 + n2)
```

En las dos primeras líneas con la sentencia `scan()` (que quiere decir “escanear”, “leer”) se le pide a la persona que indique dos números y en la tercera línea se muestra el resultado de la suma, con la sentencia `print()` (“imprimir”, “mostrar”). Mucho más corto y entendible.

Esta simplificación es posible porque nos permitimos *ignorar* ciertos aspectos del proceso que realiza la computadora. Todas esas acciones que se ven ejemplificadas en la imagen con el código ensamblador se llevan a cabo de todas formas, pero no lo vemos. Nosotros sólo tenemos que aprender esas últimas tres líneas de código, de forma que nos podemos concentrar en el problema a resolver (ingresar dos números, sumarlos y mostrar el resultado) y no en las complejas operaciones internas que tiene que hacer el microprocesador.

En programación, la idea de simplificar un proceso complejo ignorando algunas de sus partes para comprender mejor lo que hay que realizar y así resolver un problema se conoce como *abstracción*<sup>3</sup>. Esto quiere decir que los lenguajes de programación pueden tener distintos niveles de abstracción:

- *Lenguajes de bajo nivel de abstracción*: permiten controlar directamente el *hardware* de la computadora, son específicos para cada tipo de máquina, y son más rígidos y complicados de entender para nosotros. El lenguaje ensamblador entra en esta categoría.
- *Lenguajes de alto nivel de abstracción*: diseñados para que sea fácil para los humanos expresar los algoritmos sin necesidad de entender en detalle cómo hace exactamente el hardware para ejecutarlos. El lenguaje que utilizaremos en este taller, R, es de alto nivel. Son independientes del tipo de máquina.
- *Lenguajes de nivel medio de abstracción*: son lenguajes con características mixtas entre ambos grupos anteriores.

<sup>3</sup>La abstracción no es una idea exclusiva de la programación. Se encuentra, también, por ejemplo, en el *arte abstracto*.



Figura 1.9: Distintos lenguajes de programación y sus logos.

Si bien podemos programar usando un lenguaje de alto nivel para que nos resulte más sencillo, *alguien* o *algo* debe traducirlo a lenguaje de máquina para que la computadora, que sólo entiende de ceros y unos, pueda realizar las tareas. Esto también es necesario incluso si programáramos en lenguaje ensamblador. Para estos procesos de traducción se crearon los *compiladores* e *intérpretes*.

Un *compilador* es un programa que toma el código escrito en un lenguaje de alto nivel y lo traduce a código de máquina, guardándolo en un archivo que la computadora ejecutará posteriormente (archivo ejecutable). Para ilustrar el rol del compilador, imaginemos que alguien que sólo habla español le quiere mandar una carta escrita en español a alguien que vive en Alemania y sólo habla alemán. Cuando esta persona la reciba, no la va a entender. Se necesita de un intermediario que tome la carta en español, la traduzca y la escriba en alemán y luego se la mande al destinatario, quien ahora sí la podrá entender. Ese es el rol de un *compilador* en la computadora. Ahora bien, el resultado de la traducción, que es la carta escrita en alemán, sólo sirve para gente que hable alemán. Si se quiere enviar el mismo mensaje a personas que hablen otros idiomas, necesitaremos hacer la traducción que corresponda. De la misma forma, el código generado por un compilador es específico para cada máquina, depende de su arquitectura.

Además de los compiladores, para realizar este pasaje también existen los *intérpretes*. Un intérprete es un programa que traduce el código escrito en lenguaje de alto nivel a código de máquina, pero lo va haciendo a medida que se necesita, es decir, su resultado reside en la memoria temporal de la computadora y no se genera ningún archivo ejecutable. Siguiendo con el ejemplo anterior, es similar a viajar a Alemania con un intérprete que nos vaya traduciendo en vivo y en directo cada vez que le queramos decir algo a alguien de ese país. En su implementación por defecto, el lenguaje R es interpretado, no compilado.

Concluyendo, gracias al concepto de la *abstracción* podemos escribir programas en un lenguaje que nos resulte fácil entender, y gracias al trabajo de los *compiladores* e *intérpretes* la computadora podrá llevar adelante las tareas necesarias.

Cada una de las acciones que componen al algoritmo son codificadas con una o varias *instrucciones* o *sentencias*, expresadas en el lenguaje de programación elegido, y el conjunto de todas ellas constituye un *programa*. El programa se guarda en un *archivo* con un nombre generalmente dividido en dos partes por un punto, por ejemplo: `mi_primer_programa.R`. La primera parte es la *raíz* del nombre con la cual podemos describir el contenido del archivo. La segunda parte es indicativa del uso del archivo, por ejemplo, `.R` indica que contiene un programa escrito en el lenguaje R. El proceso general de ingresar o modificar el contenido de un archivo se denomina *edición*.

## 1.5. Errores de programación

Apenas iniciemos nuestro camino en el mundo de la programación nos daremos cuenta que tendremos siempre ciertos compañeros de viaje: los *errores*. Muchas veces nos pasará que queremos ejecutar nuestro código y el mismo no anda o no produce el resultado esperado. No importa cuán cuidadosos seamos, ni cuánta experiencia tengamos,

los errores están siempre presentes. Con el tiempo y práctica, vamos a poder identificarlos y corregirlos con mayor facilidad, pero probablemente nunca dejemos de cometerlos.

A los errores en programación se los suele llamar *bugs* (insecto o bicho en inglés) y el proceso de la corrección de los mismos se conoce como *debugging* (depuración)<sup>4</sup>. Se dice que esta terminología proviene de 1947, cuando una computadora en la Universidad de Harvard (la *Mark II*) dejó de funcionar y finalmente se descubrió que la causa del problema era la presencia de una polilla en un relé electromagnético de la máquina. Sin embargo, otros historiadores sostienen que el término ya se usaba desde antes.



Figura 1.10: La polilla (bug) encontrada por la científica de la computación Grace Hooper en la *Mark II* fue pegada con cinta en un reporte sobre el malfuncionamiento de la máquina.

A continuación se presenta una de las posibles clasificaciones de los errores que se pueden cometer en programación:

- *Errores de sintaxis.* Tal como el lenguaje humano, los lenguajes de programación tienen su propio vocabulario y su propia sintaxis, que es el conjunto de reglas gramaticales que establecen cómo se pueden combinar las distintas partes. Estas reglas sintácticas determinan que ciertas sentencias están correctamente construidas, mientras que otras no. Cuando ejecutamos un programa, el compilador o el intérprete chequea si el mismo es sintácticamente correcto. Si hemos violado alguna regla, por ejemplo, nos faltó una coma o nos sobra un paréntesis, mostrará un mensaje de error y debemos editar nuestro programa para corregirlo. En estos casos, hay que interpretar el mensaje de error, revisar el código y corregir el error.
- *Errores lógicos.* Se presentan cuando el programa puede ser compilado sin errores pero arroja resultados incorrectos o ningún resultado. El software no muestra mensajes de error, debido a que, por supuesto, no sabe cuál es el resultado deseado, sino que sólo se limita a hacer lo que hemos programado. En estos casos hay que revisar el programa para encontrar algún error en su lógica. Este tipo de errores suelen ser los más problemáticos. Algunas ideas para enfrentarlos incluyen volver a pensar paso por paso lo que se debería hacer para solucionar el problema y compararlo con lo que se ha programado, agregar pasos para mostrar resultados intermedios o emplear herramientas especializadas de *debugging* (llamadas *debugger*) para explorar el código paso a paso hasta identificar el error.
- *Errores en la ejecución (runtime errors).* Se presentan cuando el programa está bien escrito, sin errores lógicos ni sintácticos, pero igualmente se comporta de alguna forma incorrecta. Se dan a pesar de que el programa anda bien en el entorno de desarrollo del programador, pero no cuando algún usuario lo utiliza en algún

<sup>4</sup>Algunos usan el término bug para referirse exclusivamente a errores lógicos

contexto particular. Puede ser que se intente abrir un archivo que no existe, que el proceso supere la memoria disponible, que tomen lugar operaciones aritméticas no definidas como la división por cero, etc.

Los errores en la programación son tan comunes, que un científico de la computación muy reconocido, Edsger Dijkstra, dijo una vez: "si la depuración es el proceso de eliminar errores, entonces la programación es el proceso de generarlos". Ante la presencia de uno, no hay más que respirar profundo y con paciencia revisar hasta encontrarlo y solucionarlo.



Figura 1.11: Encontrando un bug en un programa.

## 1.6. Procesador, ambiente y acciones

Hemos definido a un algoritmo como una lista de instrucciones para resolver un problema. En este contexto, se entiende por *procesador* a todo agente capaz de comprender los pasos de un algoritmo y ejecutar el trabajo indicado por el mismo. Para cumplir con el objetivo, el procesador emplea ciertos recursos que tiene a disposición. Todos los elementos disponibles para ser utilizados por el procesador constituyen su *entorno* o *ambiente*. Cada una de las instrucciones que componen el algoritmo modifican el entorno de alguna manera y se denominan *acciones*.

Ejemplificaremos estos conceptos con los siguientes ejemplos:

### Ejemplo 1

- *Problema*: preparar una tortilla de 6 huevos.
- *Entorno*: una mesa, una hornalla, una sartén, un plato, un tenedor, aceite, una fuente con huevos, un tarro de basura.
- *Procesador*: una persona adulta.
- *Acciones comprensibles por el procesador*: agarrar un huevo, romper un huevo en un plato, batir huevos, poner aceite, poner en la sartén, poner al fuego, retirar del fuego, tirar las cáscaras, encender el fuego.

¿Cuál es un algoritmo adecuado para solucionar este problema? Podría ser:

ALGORITMO: "Preparar una tortilla de 6 huevos"

COMENZAR

ROMPER seis huevos en un plato  
TIRAR las cáscaras en el tacho  
BATIR los huevos  
CALENTAR aceite en la sartén  
PONER el contenido del plato en la sartén  
ESPERAR diez minutos  
RETIRAR la tortilla del fuego  
APAGAR el fuego

FIN

### Ejemplo 2

- *Problema:* calcular el factorial del número 5.
- *Entorno:* se dispone de una calculadora común.
- *Procesador:* una persona adulta.
- *Acciones comprensibles por el procesador:* pulsar teclas de la calculadora.

¿Cuál es un algoritmo adecuado para solucionar este problema? Podría ser:

ALGORITMO: "Calcular 5!"

COMENZAR

```
PULSAR [ON]
PULSAR [1]
PULSAR [X]
PULSAR [2]
PULSAR [X]
PULSAR [3]
PULSAR [X]
PULSAR [4]
PULSAR [X]
PULSAR [5]
PULSAR [=]
MOSTRAR la pantalla
```

FIN

Las acciones del algoritmo pueden clasificarse en función de su complejidad:

- *Acción primitiva:* acción sencilla directamente realizable por el procesador sin necesidad de contar con mayor información.
- *Acción compuesta:* acción integrada por una sucesión de acciones primitivas.

La descripción de un algoritmo en términos de acciones compuestas puede facilitar su comprensión, pero al desarrollar el programa será necesario descomponerlas en acciones primitivas que son las que realmente ejecuta el procesador. Por ejemplo, la acción compuesta en el ejemplo de la tortilla de “romper seis huevos en un plato” puede descomponerse en acciones más simples:

REPETIR 6 VECES

```
TOMAR un huevo
GOLPEAR el huevo para generar una fractura en la cáscara
EJERCER presión sobre la cáscara
DERRAMAR la clara y la yema sobre el plato
```

En el contexto de la resolución de un problema computacional, el *procesador* será la computadora; las acciones estarán dadas por las sentencias disponibles en el lenguaje de programación utilizado o las que podamos crear en base al mismo; y el *ambiente* estará constituido por un conjunto de variables, estructuras de datos, funciones y otros elementos que serán de utilidad en la programación.

## 1.7. R y RStudio

Como dijimos anteriormente, pondremos en práctica los conceptos sobre programación utilizando **R**, un lenguaje orientado a la realización de procesos estadísticos y gráficos. A diferencia de muchos otros, este es un software libre y gratuito: se distribuye bajo la licencia *GNU GPLv2* que establece la libertad de usarlo con cualquier propósito, de ver cómo fue hecho, cómo funciona y modificarlo, de distribuir copias y crear contribuciones y agregados para que estén disponibles para otros<sup>5</sup>.

Si bien R será nuestro medio de comunicación con la computadora, vamos a usar otro programa que brinda algunas herramientas para facilitar nuestro trabajo de programación, es decir, vamos a usar un **entorno de desarrollo integrado** (o *IDE*, por *integrated development environment*). Un IDE es un programa que hace que la codificación sea más sencilla porque permite manejar varios archivos de código, visualizar el *ambiente* de trabajo, utilizar resaltado con colores para distintas partes del código, emplear autocompletado para escribir más rápido, explorar páginas de ayuda, implementar estrategias de depuración e incluso intercalar la ejecución de sentencias con la

---

<sup>5</sup>R tiene una comunidad de usuarios muy activa, de las más diversas áreas, con muchos blogs, portales y encuentros en persona para buscar y recibir ayuda. Por ejemplo, existe el grupo de R en Rosario: (<https://renrosario.rbind.io>)

visualización de los resultados mientras avanzamos en el análisis o solución del problema. El IDE más popularmente empleado para programar con R es **RStudio** y será el programa que estaremos usando todo el tiempo.

Para instalar estos programas, se debe visitar las páginas oficiales de R y de RStudio, descargar los instaladores y ejecutarlos. En este enlace se presenta un video con la instalación completa.

### 1.7.1. Organización de RStudio

Cuando se abre RStudio se pueden visualizar cuatro paneles:

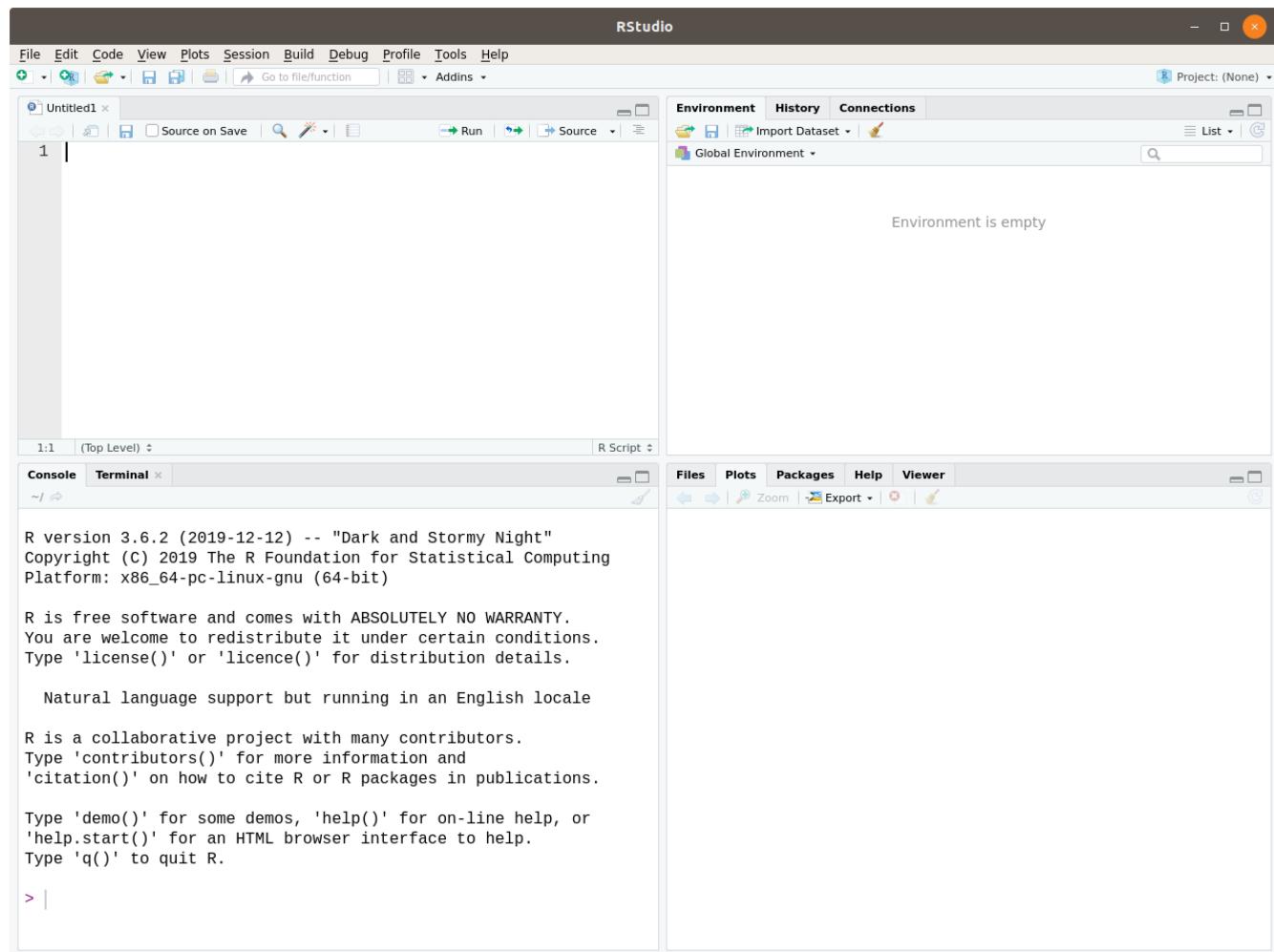


Figura 1.12: Captura de pantalla de RStudio

- A la izquierda:
  - Arriba está el **editor de archivos**. Es el lugar donde escribiremos y editaremos nuestros programas, para luego guardarlos (una especie de Bloc de Notas\* o de un *Word* muy simple). La primera vez que se abre RStudio después de su instalación puede ser que este panel no esté presente, pero aparece si vamos a *File > New File > R Script*, con el atajo **Ctrl + Shift + N** o haciendo clic en el primer ícono de la barra de herramientas. Podemos abrir varios archivos a la vez.
  - Abajo está la **consola**. Es la ventana que se comunica con R. A través de ella se envían las instrucciones o *sentencias* a R para que las evalúe (también decimos, que las ejecute o corra) y se visualizan los resultados.
- Arriba a la derecha hay un panel con algunas pestañas:
  - **Environment (ambiente)**: muestra todos los elementos que componen al ambiente o entorno.
  - **History (historial)**: lista todas las instrucciones que R ha corrido anteriormente.
  - **Otras más que no nos interesan por ahora**

- Abajo a la derecha hay otro panel con más pestañas:
  - **Files:** explorador de archivos de la computadora
  - **Plots:** ventana donde aparecen los gráficos si es que nuestro código produce alguno
  - **Packages:** listado de los “paquetes” que tenemos instalados (ver más adelante)
  - **Help:** manual de ayuda sobre todas las funciones de R
  - **Viewer:** espacio para ver salidas de los programas con algún componente dinámico o interactivo.

### 1.7.2. Uso de la consola

Podemos usar la consola de R que encontramos en el panel de la izquierda para introducir allí nuestras sentencias y al hacer **Enter** serán evaluadas, produciendo algún resultado. Por ejemplo, podemos hacer algunos cálculos matemáticos como dividir, multiplicar, sumar, restar, calcular potencias, logaritmos, raíces y mucho más:

```
1 + 2
[1] 3
5 * 3
[1] 15
exp(2)
[1] 7.389056
sqrt(100)
[1] 10
1 / 0
[1] Inf
(2 + 3i) * (3 + 6i)
[1] -12+21i
1i ^ 2
[1] -1+0i
```

Si bien podemos escribir nuestras sentencias en la consola y dar **Enter** para que se ejecuten, en general queremos que queden escritas y guardadas en el archivo de código, por eso vamos a escribir nuestros programas en el panel de arriba a la izquierda. Una vez que escribimos una sentencia en el script, podemos *correrla* (es decir, enviarla a la consola para que se execute) haciendo clic en el ícono *Run* o con el atajo *Ctrl + Enter*. De esta forma, se corre la línea en la cual está el cursor o las líneas que hayamos seleccionado.

En todo lenguaje de programación existe un carácter especial que, al ser colocado al comienzo de una línea de código, le indica al software que dicha línea no debe ser evaluada. Esto se utiliza para incluir **comentarios**, es decir, líneas que expresan en español explicaciones o aclaraciones para nosotros mismos u otros que puedan utilizar nuestro código. También se utiliza para añadir encabezados con descripciones sobre el script, o indicar distintas secciones o partes en el programa. En R, este carácter especial es el símbolo numera (#). Si *corremos* líneas que empiezan con #, R no hará nada con ellas, las saltará. Por ejemplo

```
5^1
[1] 5
# 5^2
5^3
[1] 125
```

### 1.7.3. Diseño del sistema R

R Se divide en dos partes:

- La **base** (*R Base*), que se instala cuando descargamos el programa desde CRAN (“Comprehensive R Archive Network”). Contiene, entre otras cosas, una serie de herramientas básicas y fundamentales de R.
- **Paquetes adicionales.** Un paquete es un conjunto de archivos que se descarga de forma opcional desde CRAN u otros repositorios y que sirven para hacer alguna tarea especial. Por ejemplo, para poder hacer gráficos lindos, se puede usar un paquete que se llama `ggplot2`.

Como dijimos antes, en la pestaña *Packages* del panel de abajo a la derecha tiene el listado de todos los paquetes que ya están instalados (muchos vienen con R Base). Allí también hay un botón para instalar nuevos, aunque otra opción es correr la sentencia `install.packages("nombredelpaquete")`, por ejemplo, `install.packages("ggplot2")`. También es posible instalar paquetes publicados en otros repositorios<sup>6</sup>.

Un paquete se instala una sola vez, pero cada vez que lo queramos usar debemos *cargarlo* para que las herramientas que trae queden a nuestra disposición. Eso se hace con la sentencia `library("nombredelpaquete")`, por ejemplo, `library("ggplot2")`.

## 1.8. Guía de estilo

Es sumamente importante mantener la prolijidad en la escritura tanto del pseudocódigo como de los programas, para facilitar la lectura de los mismos, especialmente cuando estamos trabajando con problemas largos. Siempre hay que tener en cuenta de que cuando escribimos un programa, tenemos dos públicos potenciales: integrantes de nuestro equipo de trabajo que tienen leer el código y hacer sus propios aportes y nosotros mismos en el futuro, cuando retomemos código hecho en el pasado y necesitemos interpretar qué es lo que hicimos hacer.

Es por eso que se establecen conjuntos de reglas para controlar y unificar la forma de escribir programas, que se conocen como **guía de estilo**. Estas reglas cubren aspectos como, por ejemplo, la forma de escribir comentarios en el código, la utilización de espacios o renglones en blanco, el formato de los nombres para los elementos que creamos nosotros mismos (como las funciones) y para los archivos que generamos, etc. Una *guía de estilo* no indica la única forma de escribir código, ni siquiera la forma correcta de hacerlo, sino que establece una convención para que todos trabajen de la misma forma, basándose en costumbres que sí se ha visto que pueden tener más ventajas que otras.

Por ejemplo, para programar en R, existe una guía de estilo llamada The tidyverse style guide, que es la que utilizan la gente de Google y de RStudio. En este curso vamos a adherir a sus recomendaciones. Si bien es una lectura muy interesante, particularmente si tenés intenciones de profundizar tus conocimientos sobre programación en R, no es necesario que lean dicha guía completa. Por ahora es suficiente con que imiten con atención el estilo que usamos en los ejemplos provistos en esta guía.

Recordemos siempre que seguir un buen estilo para programar es como hacer uso de una correcta puntuación cuando escribimos, podemos entendernos sin ella, pero es muchísimo más difícil leerlo que escribirlo si no la respetamos no?

---

<sup>6</sup>Por ejemplo, es muy común descargar paquetes en desarrollo o en experimentación que estén disponibles en la plataforma Github. Estos paquetes se instalan especificando el nombre de la cuenta de Github de quien lo haya publicado y el nombre del paquete, por ejemplo: `devtools::install_github("mpru/karel")`. Para esto previamente hay que haber instalado desde CRAN el paquete `devtools` con `install.packages("devtools")`.



## Unidad 2

# Objetos y operadores

Hemos mencionado que para resolver un problema computacional se necesita de un *procesador*, capaz de entender y ejecutar ciertas *acciones* a partir de ciertos elementos disponibles en el *ambiente* o *entorno*. En este capítulo vamos a aprender acerca de dichos elementos, a los que llamamos *objetos*.

### 2.1. Objetos

Los **objetos** son las distintas piezas de información, o más sencillamente, *datos*, que componen al *entorno* y que el procesador debe manipular para resolver una tarea. Las distintas acciones del algoritmo van creando o modificando a los objetos del entorno. A medida que avancemos, veremos que hay distintas clases de objetos, algunos con estructuras más simples y otros más complejos. Es más, cada lenguaje de programación propone su propio catálogo de clases de objetos y cada programador puede crear otras nuevas. Sin embargo, en general todos los lenguajes tienen en común el hecho de que sus objetos pueden almacenar los siguientes tres tipos de datos básicos, conocidos como **tipos de datos primitivos**:

- **Datos de tipo numérico:** representan valores escalares de forma numérica y permiten realizar operaciones aritméticas comunes. Ejemplo: 230, 2.
- **Datos de tipo carácter:** representan texto y no es posible hacer operaciones matemáticas con ellos. Representamos estos valores entre comillas. Ejemplo: "hola", "chau123"
- **Datos de tipo lógico:** pueden tomar dos valores (*VERDADERO* o *FALSO*), ya que representan el resultado de alguna comparación entre otros objetos. En R, estos valores son **TRUE** y **FALSE**, escritos sin comillas.

De manera general, al nombre de un objeto se le dice **identificador**, el cual es una secuencia de caracteres alfanuméricos que sirve para identificarlo a lo largo del algoritmo. Nombrar los objetos hace posible referirse a los mismos. La elección de los identificadores es una tarea del programador, pero cada lenguaje tiene sus propias reglas. Por ejemplo, en R los nombres de los objetos:

- Deben empezar con una letra o un punto (no pueden empezar con un número).
- Sólo pueden contener letras, números, guiones bajos y puntos (se puede forzar a R para que acepte nombres con otros caracteres, pero no es aconsejable).
- No se pueden usar las siguientes palabras como nombres, ya que son palabras claves reservadas para R: **break**, **else**, **FALSE**, **for**, **function**, **if**, **Inf**, **NA**, **NaN**, **next**, **repeat**, **return**, **TRUE**, **while**.

Es aconsejable elegir un nombre que sea representativo de la información que va a guardar el objeto, ya que esto facilita la lectura y la comprensión tanto del algoritmo como del programa. Por ejemplo, si se necesita un objeto para guardar el valor numérico del precio de algún producto, el identificador **p** sería una mala elección, mientras que **precio** sería mejor. Si se necesitan varios identificadores para distinguir los precios de diversos productos, podríamos usar algo como **precio\_manzana**, **precio\_banana**, etc. Otra opción podría ser **preciomanzana** o **precioManzana**, pero en este curso seguiremos la convención de usar guiones bajos para facilitar la lectura de los nombres elegidos. No sería posible usar como identificador a **precio manzana**, puesto que un nombre no puede tener espacios.

Ciertos objetos almacenan temporalmente un valor durante la ejecución de un proceso y su contenido puede cambiar mientras corre el programa. Este tipo de objetos reciben el nombre de **variables**. Por ejemplo, en un programa creado para un comercio puede existir un objeto llamado **stock** (identificador) de tipo numérico que representa la cantidad de artículos disponibles y cuyo valor se modifica cada vez que se registra una nueva venta. Podemos pensar a una variable como una caja etiquetada con un nombre (su identificador) y que guarda un valor (numérico, lógico

o de carácter).



Figura 2.1: La variable A contiene al valor 5.

Si un objeto tiene siempre necesariamente un valor fijo, se dice que es una **constante**. El valor es siempre el mismo para cualquier ejecución del programa, es decir, no puede cambiar de una ejecución a otra. Son ejemplos de constantes el número de meses del año, las constantes matemáticas tales como el número  $\pi$ , los factores de conversión de unidades de medida, etc. Las constantes pueden usarse literalmente, es decir, usando explícitamente el valor, o también a través de un objeto que asocie un identificador al valor constante (por ejemplo, asociar el nombre pi a la constante 3.14159265358979).

### 2.1.1. Declaración de variables y constantes

Al expresar nuestros algoritmos en pseudocódigo tomaremos la costumbre de declarar al inicio del mismo las variables y constantes necesarias para resolver el problema, explicitando su identificador y determinando el tipo de valor que guarda. Muchos lenguajes de programación utilizan esta declaración para reservar en la memoria de la computadora un espacio para almacenar la información correspondiente de manera adecuada.

Veamos un ejemplo:

```
ALGORITMO: "Calcular área de un círculo"
COMENZAR
    CONSTANTE numérica pi
    VARIABLE numérica radio, area
    ...restantes acciones del algoritmo...
FIN
```

Una vez que una variable o constante ha sido definida con un tipo particular, es incorrecto intentar asignarle un valor de otro tipo, por ejemplo, asignarle a la variable **radio** del ejemplo anterior un valor de tipo carácter. Esto generaría ambigüedad, además de que en ciertos lenguajes de programación produciría un error.

R es un lenguaje dinámico que no requiere la declaración previa de las variables que serán utilizadas, sino que estas pueden definirse dinámicamente a lo largo del programa. Por eso, incluiremos declaración de variables y constantes sólo en los algoritmos y no cuando estos sean traducidos a R. Al no necesitar una declaración previa, en R es posible asignar, por ejemplo, un valor de tipo carácter a un identificador que anteriormente contenía un valor de tipo numérico, pero trataremos de evitar esto.

### 2.1.2. Acción de asignación

Para hacer que una variable guarde un determinado valor se recurre a una **acción de asignación**. Mediante asignaciones podemos dar valores iniciales a las variables, modificar el valor que tenían hasta el momento o guardar en ellas resultados intermedios o finales del algoritmo.

En pseudocódigo expresaremos a la asignación como se muestra en estos ejemplos:

```
ALGORITMO: "Calcular área de un círculo"
COMENZAR
    CONSTANTE numérica pi
    VARIABLE numérica radio, area
    pi <- 3.14159265358979
    radio <- 3
```

```
...restantes acciones del algoritmo...
FIN
```

Si intervienen variables o constantes en la expresión a la derecha de una acción de asignación, se usará el valor que tengan las mismas en ese momento. Por ejemplo, la siguiente secuencia de acciones en un algoritmo:

```
var1 <- 2
var2 <- var1
var1 <- 7
var3 <- var1
```

resultará en que las variables `var1`, `var2` y `var3` tengan almacenados los valores 7, 2 y 7 respectivamente. Un caso particular se da cuando a una variable se le asigna el valor de una operación de la que forma parte la misma variable. Por ejemplo:

```
stock <- 43
ventas <- 29
compras <- 12
stock <- stock - ventas + compras
```

### 2.1.3. Creación y manejo de objetos en R

En R también se usa el operador “flechita” para asignar valores a variables. Como lo vamos a usar muchísimas veces, es conveniente recordar su *shortcut*: `Alt + -` (teclas *Alt* y guion medio). Como ya mencionamos antes, R es un lenguaje dinámico, lo cual significa que no tenemos que declarar las variables antes de asignarles un valor. Por ejemplo, si necesitamos registrar el peso y lugar de nacimiento de una persona, solamente tenemos que hacer:

```
lugar_nacimiento <- "Bombal"
peso_nacimiento <- 3.423
```

En este caso, `lugar_nacimiento` es un objeto de tipo carácter, ya que la información que contiene es “Bombal”, y `peso_nacimiento` es un objeto numérico. Vale aclarar que en R el punto decimal se representa con el punto `.` y no con la coma `,`, como solemos escribir habitualmente, por lo que el número indicado se lee “tres coma cuatrocientos veintitrés” y no “tres mil cuatrocientos veintitrés”. Asimismo, no se usan separadores de miles al escribir los números. Por otro lado, R provee algunas funciones para poder averiguar en cualquier momento qué tipo de dato está almacenado en alguna variable. Todavía no hemos definido formalmente a las *funciones*, pero por ahora nos alcanza con saber que son otro tipo de objetos que cuando las usamos se encargan de cumplir con alguna tarea específica. Las funciones también tienen un nombre (*identificador*) y están seguidas por un par de paréntesis, dentro de los cuales se escriben opciones para que ellas operen. La función `class()` es la que nos dice qué tipo de dato hay en una variable:

```
var1 <- 2
var2 <- "Hola Mundo"
var3 <- TRUE
class(var1)
```

```
[1] "numeric"
```

```
class(var2)
```

```
[1] "character"
```

```
class(var3)
```

```
[1] "logical"
```

También hay algunas funciones que devuelven `TRUE` o `FALSE` a modo de respuesta cuando le preguntamos a R si una variable tiene un dato de tipo numérico, carácter o lógico:

```
is.numeric(var1)
[1] TRUE
```

```
is.numeric(var2)
```

```
[1] FALSE
```

```
is.character(var3)
```

```
[1] FALSE
```

```
is.logical(var3)
```

```
[1] TRUE
```

Todos los objetos que vamos definiendo en nuestro algoritmo y, posteriormente, en nuestro programa, forman parte del *ambiente*. En Rstudio podemos ver listados todos los objetos presentes en el ambiente en la pestaña *Environment* del panel superior derecho. También podemos ver en la consola un listado de todos los nombres de los objetos que existen en el ambiente con la función `ls()`, por ejemplo:

```
ls()
```

```
[1] "var1" "var2" "var3"
```

Es probable que mientras estamos escribiendo el código, necesitemos probar si algunas partes funcionan y para eso corremos algunas líneas de código, creando objetos en el ambiente. Entre intento e intento, probablemente necesitemos borrar alguno o todos esos objetos que se crearon, para poder comenzar con un ambiente libre. Si deseamos borrar todos los objetos del ambiente podemos correr la sentencia `rm(list = ls())` o hacer clic en el ícono de la escoba en el panel *Environment*. Si queremos eliminar sólo un objeto debemos ejecutar la función `rm()`, indicando entre paréntesis el identificador del objeto que deseamos borrar, por ejemplo:

```
rm(var1)
```

Todos los objetos generados viven temporalmente en la memoria de la computadora mientras dure la sesión de R en la que estamos trabajando. Si cerramos R, toda esa información desaparecerá. Muchas veces eso es algo deseable: una vez finalizado el programa, guardamos algún resultado que nos interese (por ejemplo, un conjunto de datos en un archivo de Excel) y todos los objetos del ambiente que fuimos necesitando en el camino son descartados. Sin embargo, en otras oportunidades nos interesa guardar de forma permanente en la computadora una copia de todo lo que se encuentra en el ambiente en un archivo dentro de alguna carpeta. Los archivos que contienen los objetos creados en R tienen extensión `.RData`. Estos archivos se generan con el ícono de guardar en la pestaña *Environment* o usando la función `save.image()`, que necesita que escribamos entre los paréntesis la carpeta donde guardaremos el archivo y el nombre elegido para el mismo, por ejemplo:

```
save.image("C:/Users/Marcos/Documentos/Facultad/objetos.RData")
```

Si por el contrario necesitamos *importar* al ambiente objetos que estén guardados en algún lugar de nuestra computadora en un archivo `.RData`, podemos usar el ícono de abrir en la pestaña *Environment* o la función `load()`, por ejemplo:

```
load("C:/Users/Marcos/Documentos/Facultad/objetos.RData")
```

## 2.2. Operadores

El desarrollo de un algoritmo involucra la necesidad de efectuar operaciones de distinto tipo entre los valores guardados en los objetos: suma, resta, concatenación de caracteres, comparaciones, etc. Los elementos que describen el tipo de operación a realizar entre dos objetos se denominan **operadores**.

### 2.2.1. Operadores aritméticos

Los operadores aritméticos permiten realizar operaciones matemáticas con datos de tipo numérico. A continuación presentamos su simbología más comúnmente empleada a la hora de expresarlos en pseudocódigo, junto con sus equivalentes en el lenguaje R:

Cuadro 2.1: Operadores aritméticos.

Operación	Operador en pseudocódigo	Operador en R	Ejemplo	Rtdo para x <- 7, y <- 3
Suma	+	+	x + y	10
Resta	-	-	x - y	4
Multiplicación	*	*	x * y	21
División	/	/	x / y	2.33
Potenciación	$\wedge$	$\wedge$	$x^y$	343
División entera	DIV	% / %	x % / %	2
División modular (resto de la división)	MOD	% %	x % % y	1

Los operadores aritméticos actúan con un orden de prioridad establecido, también conocido como *orden de evaluación* u *orden de precedencia*, tal como estamos acostumbrados en matemática. Las expresiones entre paréntesis se evalúan primero. Si hay paréntesis anidados se evalúan desde adentro hacia afuera. Dentro de una misma expresión, **en R** los operadores se evalúan en este orden:

1. Potenciación ( $\wedge$ )
2. División entera y módulo (% / %, % %, y cualquier otro operador especial del tipo % . . . %)
3. Multiplicación y división (\*, /)
4. Suma y resta (+, -)

Si la expresión presenta operadores con igual nivel de prioridad, se evalúan de izquierda a derecha. Veamos algunos ejemplos:

Cuadro 2.2: Ejemplos de operaciones aritméticas según el orden de precedencia de R.

Operación	Resultado
4 + 2 * 4	12
23 * 2 / 5	9.2
3 + 5 * (10 - (2 + 4))	23
2.1 * 1.5 + 12.3	15.45
2.1 * (1.5 + 12.3)	28.98
1 % % 4	1
8 * (7 - 6 + 5) % % (1 + 8 / 2) - 1	7

## 2.2.2. Operadores relacionales o de comparación

Los operadores relacionales sirven para comparar dos valores de cualquier tipo y dan como resultado un valor lógico: *VERDADERO* (T o TRUE en R) o *FALSO* (F o FALSE en R).

Cuadro 2.3: Operadores relacionales o de comparación.

Comparación	Operador en pseudocódigo	Operador en R	Ejemplo	Rtdo para x <- 7, y <- 3
Mayor que	>	>	x > y	TRUE
Menor que	<	<	x < y	FALSE
Mayor o igual que	>=	>=	x >= y	TRUE
Menor o igual que	<=	<=	x <= y	FALSE
Igual a	= o ==	==	x == y	FALSE
Distinto a	$\neg =$ o !=	!=	x != y	TRUE

Otros ejemplos:

```
a <- 3
b <- 4
d <- 2
e <- 10
f <- 15
(a * b) == (d + e)
```

[1] TRUE

```
(a * b) != (f - b)
```

[1] TRUE

Es interesante notar que primero se evalúan las operaciones a cada lado de los operadores relacionales y luego se hace la comparación. Es decir, **los operadores aritméticos preceden a los relacionales en el orden de prioridad**. Por eso, en los ejemplos anteriores no eran necesarios los paréntesis y podríamos poner directamente:

```
a * b == d + e
```

[1] TRUE

```
a * b != f - b
```

[1] TRUE

Si bien en pseudocódigo podemos usar tanto `=` o `==` para probar la igualdad entre dos elementos, **en R no debemos usar `=`** para este fin, puesto que `=` no es un operador de comparación sino de asignación, parecido al `<-`.

### 2.2.3. Operadores lógicos

Mientras que los operadores relacionales comparan cualquier tipo de valores, los operadores lógicos sólo toman operandos de tipo lógico y producen también un resultado lógico. Los operadores lógicos que utilizaremos son:

Cuadro 2.4: Operadores lógicos.

Operación	Operador en pseudocódigo	Operador en R	Ejemplo	Rtdo para x <- T, y <- F
Conjunción	Y	<code>&amp;&amp;</code>	x <code>&amp;&amp;</code> y	FALSE
Disyunción	O	<code>  </code>	x <code>  </code> y	TRUE
Negación	NO o <code>!</code>	!	<code>!x</code>	FALSE

- La operación de conjunción (Y) devuelve un valor **VERDADERO** sólo si son verdaderas **ambas** expresiones que vincula. Ejemplo: `(3 > 2) Y (3 > 5)` resulta en **VERDADERO Y FALSO** y esto es **FALSO**.
- La operación de disyunción (O) devuelve un valor **VERDADERO** si **al menos una** de las dos expresiones que vincula es verdadera. Ejemplo: `(3 > 2) O (3 > 5)` resulta en **VERDADERO O FALSO** y esto es **VERDADERO**.
- La operación de negación (NO) niega un valor lógico, es decir, devuelve el opuesto. Ejemplo: `NO (3 > 2)` resulta en **NO VERDADERO** y esto es **FALSO**.

Tanto para la conjunción como para la disyunción, R provee dos operadores, repitiendo o no el símbolo correspondiente: `&&` vs `&`; `||` vs `!`. Hay una diferencia entre ellos que por ahora no viene al caso, pero vamos a señalar que por ahora estaremos usando las versiones presentadas anteriormente: `&&` y `||`.

La **tabla de verdad** o **tabla de valores de verdad** se utiliza para mostrar los resultados de estas operaciones lógicas:

Cuadro 2.5: Operadores relacionales o de comparación.

Valor 1	Operador	Valor 2	Resultado
F	Y	F	F
F	Y	V	F
V	Y	F	F

Valor 1	Operador	Valor 2	Resultado
V	Y	V	V
F	O	F	F
F	O	V	V
V	O	F	V
V	O	V	V
NO	F	V	V
NO	V	F	F

Con estos operadores es posible construir evaluaciones lógicas más elaboradas como los siguientes ejemplos:

- Evaluar si el valor de `ancho` está entre 5 y 7: (`ancho > 5`) Y (`ancho < 7`).

```
ancho <- 6.4
(ancho > 5) && (ancho < 7)
```

[1] TRUE

- Establecer si una persona estudia Estadística o Economía: (`carrera == "Estadística"`) O (`carrera == "Economía"`).

```
carrera <- "Administración"
(carrera == "Estadística") || (carrera == "Economía")
```

[1] FALSE

- Determinar si una persona no estudia Estadística: NO (`carrera == "Estadística"`).

```
carrera <- "Administración"
!(carrera == "Estadística")
```

[1] TRUE

- Verificar que el valor guardado en `x` no sea igual a 2 ni a 3:

- Opción correcta 1: (`x != 2`) Y (`x != 3`)

```
# Da verdadero porque x no es ni 2 ni 3
x <- 10
(x != 2) && (x != 3)
```

[1] TRUE

```
# Da falso porque x es igual a 3
x <- 3
(x != 2) && (x != 3)
```

[1] FALSE

- Opción correcta 2: NO (`(x == 2) O (x == 3)`)

```
# Da verdadero porque x no es ni 2 ni 3
x <- 10
!(x == 2 || x == 3)
```

[1] TRUE

```
# Da falso porque x es igual a 3
x <- 3
!(x == 2 || x == 3)
```

[1] FALSE

- Opción incorrecta: (`x != 2`) O (`x != 3`)

```
# Da verdadero, porque al ser x igual a 3, es distinto de 2,
# haciendo que la primera parte sea verdadera
x <- 3
(x != 2) || (x != 3)
```

[1] TRUE

Este último ejemplo se relaciona con las **Leyes de Morgan**: siendo b y c valores lógicos, se tiene:

- $\text{NO } (b \text{ O } c)$  es equivalente a  $\text{NO } b \text{ Y } \text{NO } c$ .
- $\text{NO } (b \text{ Y } c)$  es equivalente a  $\text{NO } b \text{ O } \text{NO } c$ .

Es importante notar que todos los paréntesis usados en el código de R del ejemplo 4 son innecesarios, puesto que **los operadores relacionales preceden a los lógicos en el orden de prioridad**. Sin embargo, a veces preferimos usar paréntesis para que la lectura sea más sencilla. En el siguiente ejemplo, ambas expresiones son equivalentes:

```
ancho <- 6.4
(ancho > 5) && (ancho < 7)
```

[1] TRUE

```
ancho > 5 && ancho < 7
```

[1] TRUE

Para pensar: predecir el resultado de las siguientes operaciones y luego verificar:

```
x <- 2
y <- -2
x > 0 && y < 0
x > 0 || y < 0
!(x > 0 && y < 0)
```

### 2.2.3.1. Evaluación en cortocircuito

Para evaluar la operación de conjunción  $x \&& y$ , en R se comienza por evaluar la expresión del primer operando  $x$  y si su resultado es FALSE ya no se evalúa la expresión  $y$  del segundo operando. Esto es porque si  $x$  es FALSE, el resultado de  $x \&& y$  ya no depende de  $y$ , será siempre FALSE. Por este motivo se dice que el operador **&&** se evalúa en *cortocircuito*. La evaluación en cortocircuito evita realizar operaciones innecesarias<sup>1</sup>

Por ejemplo:

```
x <- 1
y <- 2

# La primera parte da TRUE, se continúa con la segunda, pero da error porque no
# existe un objeto llamado z
(y > x) && (x > z)
```

Error in eval(expr, envir, enclos): object 'z' not found

```
# La primera parte da FALSE, entonces toda la operación será FALSE, no se
# continúa con la segunda parte, con lo cual no se intenta usar el objeto
# inexistente z y no hay error
(y < x) && (x > z)
```

[1] FALSE

La operación de disyunción también se evalúa en cortocircuito, es decir, si se encuentra que uno de los operandos es TRUE, no hace falta evaluar los restantes, puesto que el resultado general será TRUE:

<sup>1</sup>El otro operador de conjunción, **&**, no evalúa en cortocircuito, además de poseer otras diferencias.

```
# Es TRUE porque la primera parte es TRUE, sin evaluar la segunda, que daría
# error
(y > x) || (x > z)
```

```
[1] TRUE
```

```
# Como la primera parte es FALSE, debe evaluar la segunda, no encuentra a z y da
# error
(x > y) || (x > z)
```

```
Error in eval(expr, envir, enclos): object 'z' not found
```

### 2.2.3.2. Orden de precedencia completo en R

Resumiendo la información anterior, a continuación se presenta el orden completo de precedencia de los operadores en R que utilizaremos (hay algunos más que pueden ver en `?Syntax`):

Cuadro 2.6: Orden de precedencia de los operadores en R.

Orden	Operaciones	Operadores
1	Potenciación	$\wedge$
2	Signo de un número (ej: -3)	+ -
3	División entera y resto	% / % % %
4	Multiplicación y división	* /
5	Suma y resta	+ -
6	Operaciones relaciones o comparaciones	< > <= >= == !=
7	Negación	!
8	Conjunción	&&
9	Disyunción	
10	Asignación (izquierda a derecha)	<-

Dentro de una misma expresión, operadores con igual prioridad se evalúan de izquierda a derecha.

## 2.3. Entrada y salida de información

En la resolución de problemas puede ser necesario que alguna fuente externa (como un usuario del programa) provea información. En estos casos se debe registrar dicha información como un valor que debe ser asignado a una variable. Cuando escribamos nuestros algoritmos en pseudocódigo, para esto utilizaremos la acción **LEER**. Cuando deseamos mostrar un resultado en un mensaje empleamos la acción **ESCRIBIR**. Las palabras o frases literales que se desean mostrar en el mensaje deben estar encerradas entre comillas porque son cadenas de texto, mientras que si se desea mostrar el valor de una variable se debe escribir su identificador sin comillas.

Por ahora, en R ejecutaremos a la acción **LEER** mediante la asignación directa de un valor a una variable a través del operador `<-`. La acción **ESCRIBIR** puede ser ejecutada a través de la función `cat()` si se quiere mostrar una frase compuesta. En los casos en los que sólo interesa mostrar un valor (sin escribir una frase) no será necesario usar `cat()`, ya que sencillamente al correr el nombre de un objeto, su valor es mostrado en la consola. En otros casos usaremos la función `print()`. Ya iremos viendo la utilidad de cada una de estas opciones.

Vamos a completar el ejemplo del algoritmo para el cálculo del área de un círculo, integrando todo lo mencionado anteriormente:

### Pseudocódigo:

ALGORITMO: "Calcular área de un círculo"

COMENZAR

```
CONSTANTE numérica pi
VARIABLE numérica radio, area
pi <- 3.14159265358979
LEER radio
```

```

area <- pi * radio^2
ESCRIBIR "El área del círculo es " area
FIN

```

En R:

```
# PROGRAMA: "Calcular área de un círculo" ----

pi <- 3.14159265358979
radio <- 5
area <- pi * radio^2
cat("El área del círculo es", area)
```

El área del círculo es 78.53982

*Nota:* pi ya es una constante incorporada en R Base, en realidad no es necesario crear esta constante y asignarle valor.

## 2.4. Directorio de trabajo

Antes de terminar este capítulo vamos a presentar un concepto fundamental acerca de cómo se relaciona R con el sistema operativo de nuestra computadora para poder tener acceso a nuestros archivos o para generar otros nuevos. Al finalizar la sección 2.1.3 vimos ejemplos en los que se utilizó R para, en primer lugar, generar un archivo llamado `objetos.RData` con todos los objetos existentes en nuestro ambiente de trabajo y, en segundo lugar, cargar la información que dicho archivo contiene:

```
save.image("C:/Users/Marcos/Documentos/Facultad/objetos.RData")
load("C:/Users/Marcos/Documentos/Facultad/objetos.RData")
```

En ambos casos, dentro de las funciones `save.image()` y `load()` se tuvo que escribir la dirección completa que representa cuál es la ubicación exacta de dicho archivo en la computadora: `C:/Users/Marcos/Documentos/Facultad/objetos.RData`. Esto significa que el archivo se encuentra en la carpeta `Facultad`, que a su vez está dentro de la carpeta `Documentos`, dentro de `Ana` y dentro de `Users`, en el disco C de la computadora.

Expresiones como `C:/Users/Marcos/Documentos/Facultad/objetos.RData` reciben el nombre de **ruta informática** o *path* y sirven para referenciar de manera exacta la localización ya sea de una carpeta o de un archivo en particular dentro del sistema de archivos que maneja el sistema operativo de la computadora. Un *path* está compuesto por todos los nombres de los directorios que ordenadamente nos permiten llegar hasta la carpeta o archivo de interés, separados por un carácter que dependiendo del sistema operativo puede ser una barra diagonal / o una barra inversa \.

R siempre está mirando a alguna carpeta en particular dentro de la computadora, la cual recibe el nombre **directorio de trabajo** (o *working directory, wd*). Por ejemplo, en este momento y en mi computadora, R está posando su atención en una carpeta que se llama `introprog` y cuya ruta puedo descubrir con la función `getwd()`, que significa “obtener (get) el directorio de trabajo (wd)”:

```
getwd()

[1] "/home/marcos/GitProjects/introprog"
```

Esto quiere decir que R puede ver y acceder de manera directa a todos los archivos que hay allí, sin necesidad de escribir la ruta completa. Por ejemplo, si en lugar de ejecutar:

```
save.image("C:/Users/Marcos/Documentos/Facultad/objetos.RData")
```

ejecuto sencillamente:

```
save.image("objetos.RData")
```

lo que ocurre es que el nuevo archivo se generará en mi directorio de trabajo (carpeta `introprog`) y no en la carpeta `Facultad`. Del mismo modo, si ejecuto:

```
load("objetos.RData")
```

el software va a buscar el archivo `objetos.RData` en mi directorio de trabajo (carpeta `introprog`) y va a cargar su contenido al ambiente de trabajo. Si en dicha carpeta no existe un archivo con ese nombre, obtendremos un mensaje de error muy famoso:

```
cannot find file 'objetos.RData', probable reason 'No such file or directory'
```

El directorio de trabajo por default suele ser la carpeta *Documentos* o alguna equivalente y es la que vemos en el panel **Files** de RStudio. Podemos cambiar el directorio de trabajo por cualquier otra carpeta en la que queramos estar trabajando con la función `setwd()` (“setear el working directory”):

```
setwd("/home/marcos/documents/introprog/tp1")
getwd()
"/home/marcos/documents/introprog/tp1"
```

Por ejemplo, si estamos resolviendo un trabajo práctico para el cual tenemos varios archivos necesarios guardados en la carpeta `tp1`, tenemos dos opciones:

1. Sin importar cuál es nuestro directorio de trabajo, hacer referencia a dichos archivos con *paths* completos, por ejemplo:

```
load("/home/marcos/documents/introprog/tp1/objetos.RData")
```

2. Setear como directorio de trabajo a la carpeta del trabajo práctico y hacer un uso directo de los archivos que se encuentren allí:

```
setwd("/home/marcos/documents/introprog/tp1")
load("objetos.RData")
```

Es importante recordar lo siguiente: al escribir *paths*, R sólo reconoce como caracteres delimitadores entre los nombres de carpetas a la barra diagonal / o a dos barras invertidas \\\. Quienes usan el sistema operativo Windows notarán que en el explorador de archivos, las rutas están delimitadas con una sola barra invertida \. En el contexto de R, debe ser reemplazada por dos barras invertidas o por una sola barra diagonal.



# Unidad 3

## Estructuras de control

Como mencionamos anteriormente, un algoritmo está compuesto por una sucesión ordenada de comandos que se ejecutan uno detrás de otro. Sin embargo, con frecuencia es necesario recurrir a comandos especiales que alteran o controlan el orden en el que se ejecutan las acciones. Llamamos **estructuras de control del flujo de las acciones** al conjunto de reglas que permiten controlar el flujo de las acciones de un algoritmo o programa. Las mismas pueden clasificarse en **secuenciales, condicionales e iterativas**.

### 3.1. Estructuras de control secuenciales

Las **estructuras secuenciales** están compuestas por un número definido de acciones que se ubican en un orden específico y se suceden una tras otra. Los ejemplos que hemos discutido anteriormente están conformados por este tipo de estructura.

### 3.2. Estructuras de control condicionales

En algunas partes de un algoritmo puede ser útil detenerse a hacer una pregunta porque se llegó a una situación en la que puede haber una o más opciones disponibles para continuar. Dependiendo de la respuesta a la pregunta, que siempre deberá ser **VERDADERO (TRUE)** o **FALSO (FALSE)**, el algoritmo seguirá ciertas acciones e ignorará otras. Estas preguntas y respuestas representan procesos de toma de decisión que conducen a diferentes caminos dentro del algoritmo, permitiéndonos que la solución para el problema en cuestión sea flexible y se adapte a distintas situaciones. Este tipo de estructuras de control de las acciones reciben el nombre de **condicionales** (o *estructuras de selección*) y pueden ser **simples, dobles y múltiples**.

#### 3.2.1. Estructuras condicionales simples

Postulan una evaluación lógica y, si su resultado es **VERDADERO**, se procede a ejecutar las acciones encerradas por esta estructura. Se describen en pseudocódigo con la siguiente sintaxis:

```
SI <condición> ENTONCES
    Acción/es
FIN SI
```

La palabra **SI** indica el comando de evaluación lógica, **<condición>** indica la condición a evaluar y **Acción/es** son las instrucciones que se realizarán sólo si se cumple la condición, es decir, si la evaluación resulta en **VERDADERO**. Si la condición no se verifica, no se ejecuta ninguna acción y el algoritmo sigue su estructura secuencial a continuación del **FIN SI**.

En R, la estructura que nos permite realizar esto es:

```
if (condición) {
  ...código para ejecutar acciones...
}
```

Por ejemplo, el siguiente algoritmo registra la edad de una persona y, en el caso de que sea mayor de edad, avisa que puede votar en las elecciones provinciales de Santa Fe:

ALGORITMO: "Analizar edad para votar"

COMENZAR

```
VARIABLE numérica edad
LEER edad
SI edad >= 18 ENTONCES
    ESCRIBIR "Edad = " edad " años: puede votar"
FIN SI
FIN
```

```
# Programa: "Analizar edad para votar" -----
edad <- 21
if (edad >= 18) {
    cat("Edad =", edad, "años: puede votar")
}
```

Edad = 21 años: puede votar

Notar que si bien el uso de sangrías en el código es opcional, decidimos emplearlo para facilitar su lectura. Mantener la prolijidad en nuestros programas es esencial.

### 3.2.2. Estructuras condicionales dobles

Este tipo de estructura añade una acción a ejecutarse en el caso de que la condición evaluada no se verifique (es decir, devuelve el valor FALSO). La sintaxis es:

```
SI <condición> ENTONCES
    Acción/es
SI NO
    Acción/es
FIN SI
```

La palabra ENTONCES antecede a las acciones que se realizan si se cumple la condición y la expresión SI NO a las que se realizan si no se verifica la misma.

En R se utiliza el comando `else`:

```
if (condición) {
    ...código para ejecutar acciones...
} else {
    ...código para ejecutar acciones...
}
```

Retomando el ejemplo anterior:

ALGORITMO: "Analizar edad para votar"

COMENZAR

```
VARIABLE numérica edad
LEER edad
SI edad >= 18 ENTONCES
    ESCRIBIR "Edad = " edad " años: puede votar"
SI NO
    ESCRIBIR "Edad = " edad " años: no puede votar"
FIN SI
FIN
```

```
# Programa: "Analizar edad para votar" -----
edad <- 21
if (edad >= 18) {
    cat("Edad =", edad, "años: puede votar")
```

```

} else {
  cat("Edad =", edad, "años: no puede votar")
}

```

Edad = 21 años: puede votar

### 3.2.3. Estructuras condicionales múltiples o anidadas

Permiten combinar varias estructuras condicionales para establecer controles más complejos sobre el flujo de las acciones, representando una toma de decisión múltiple. Podemos exemplificar la sintaxis de la siguiente forma:

```

SI <condición 1> ENTONCES
  Acción 1
SI NO
  SI <condición 2> ENTONCES
    Acción 2
  SI NO
    Acción 3
  FIN SI
FIN SI

```

En la estructura anterior, hay una primera evaluación lógica en la cual si el resultado es **VERDADERO**, se ejecuta la Acción 1 y nada más. En cambio, si su resultado es **FALSO**, se procede a realizar una segunda evaluación lógica, que da lugar a la ejecución de la Acción 2 o de la Acción 3 si su resultado es **VERDADERO** o **FALSO**, respectivamente.

Se debe notar que luego del primer **SI NO** comienza una nueva estructura completa de **SI/ENTONCES/SI NO/FIN SI**. Cada **SI** termina con su propio **FIN SI**. Al traducir esto a R, se vuelve algo más sencillo:

```

if (condición 1) {
  ...Acción 1...
} else if (condición 2) {
  ...Acción 2...
} else {
  ...Acción 3...
}

```

El último bloque de acciones (**...Acción 3...**) se evaluará si ninguna de las condiciones lógicas anteriores fue **VERDADERO**.

En el ejemplo de la edad:

```

ALGORITMO: "Analizar edad para votar"
COMENZAR
  VARIABLE numérica edad
  LEER edad
  SI edad < 18 ENTONCES
    ESCRIBIR "Edad = " edad " años: no puede votar"
  SI NO
    SI edad >= 70 ENTONCES
      ESCRIBIR "Edad = " edad " años: puede votar opcionalmente"
    SI NO
      ESCRIBIR "Edad = " edad " años: debe votar obligatoriamente"
    FIN SI
  FIN SI
FIN

```

```

# Programa: "Analizar edad para votar" -----
edad <- 21
if (edad < 18) {
  cat("Edad =", edad, "años: no puede votar")
} else if (edad >= 70) {

```

```

cat("Edad =", edad, "años: puede votar opcionalmente")
} else {
  cat("Edad =", edad, "años: debe votar obligatoriamente")
}

```

Edad = 21 años: debe votar obligatoriamente

### 3.3. Estructuras de control iterativas

Las estructuras de control iterativas son útiles cuando la solución de un problema requiere que se ejecute repetidamente un determinado conjunto de acciones. El número de veces que se debe repetir dicha secuencia de acciones puede ser fijo o puede variar dependiendo de algún dato o condición a evaluar en el algoritmo.

#### 3.3.1. Estructuras de control iterativas con un número fijo de iteraciones

Se aplican cuando se conoce de antemano el número exacto de veces que se debe repetir una secuencia de acciones. También se conocen como *bucles (loops) controlados por un conteo*, ya que el algoritmo va contando la cantidad de repeticiones haciendo uso de una variable que recibe el nombre de **variable de iteración, índice o conteo**.

Por ejemplo, imaginemos que queremos escribir un algoritmo que permita calcular la quinta potencia de cualquier número. Para esto, se debe tomar dicho número y multiplicarlo por sí mismo 5 veces. Por lo tanto, una posible solución es:

```

ALGORITMO: "Calcular la quinta potencia"
COMENZAR
  VARIABLE numérica x, resultado
  LEER x
  resultado <- 1
  resultado <- resultado * x
  ESCRIBIR x "elevado a la quinta es igual a" resultado
FIN

```

Ya que sabemos que la multiplicación se debe repetir 5 veces, podemos resumir lo anterior con la siguiente estructura:

```

ALGORITMO: "Calcular la quinta potencia"
COMENZAR
  VARIABLE numérica x, resultado
  LEER x
  resultado <- 1
  PARA i DESDE 1 HASTA 5 HACER
    resultado <- resultado * x
  FIN PARA
  ESCRIBIR x "elevado a la quinta es igual a" resultado
FIN

```

La letra *i* es la variable de iteración. Podríamos haber elegido otra letra u otra palabra en su lugar, pero emplear *i* es una elección bastante común. En este ejemplo, su única función es ir contando la cantidad de veces que se repiten las acciones encerradas dentro de la estructura PARA/FIN PARA. El bloque de instrucciones se repite tantas veces como *i* tarde en llegar a 5 partiendo desde 1. Por convención, a la variable de iteración no la declaramos junto con las otras variables numéricas (como *x* y *resultado*).

En R, el ejemplo anterior se implementa así:

```

# Programa: "Calcular la quinta potencia" -----
x <- 4
resultado <- 1

```

```
for (i in 1:5) {
  resultado <- resultado * x
}
cat(x, "elevado a la quinta es igual a", resultado)
```

4 elevado a la quinta es igual a 1024

Dado que la variable de iteración toma un valor numérico que va cambiando en cada repetición del bloque, se puede aprovechar para hacer cuentas con el mismo. Por ejemplo, el siguiente algoritmo muestra la tabla del ocho:

ALGORITMO: "Mostrar tabla del 8"

COMENZAR

```
VARIABLE numérica resultado
PARA i DESDE 0 HASTA 10 HACER
  resultado <- 8 * i
  ESCRIBIR "8 x" i "=" resultado
FIN PARA
```

FIN

```
# Programa: "Mostrar tabla del 8" -----
```

```
resultado <- 1
for (i in 0:10) {
  resultado <- 8 * i
  cat("8 x", i, "=", resultado, "\n")
}
```

```
8 x 0 = 0
8 x 1 = 8
8 x 2 = 16
8 x 3 = 24
8 x 4 = 32
8 x 5 = 40
8 x 6 = 48
8 x 7 = 56
8 x 8 = 64
8 x 9 = 72
8 x 10 = 80
```

En lo anterior, \n es un carácter especial que indica “salto de línea”. Si no lo agregamos, los mensajes se imprimirían uno al lado del otro en el mismo renglón:

```
# Programa: "Mostrar tabla del 8" -----
for (i in 0:10) {
  resultado <- 8 * i
  cat("8 x", i, "=", resultado)
}
```

```
8 x 0 = 08 x 1 = 88 x 2 = 168 x 3 = 248 x 4 = 328 x 5 = 408 x 6 = 488 x 7 = 568 x 8 = 648 x 9 = 728 x 10 =
```

De manera general, la sintaxis para este tipo de estructuras es:

```
PARA <variable> DESDE <valor1> HASTA <valor2> CON PASO <valor3> HACER
  Acción/es
FIN PARA
```

Dado un valor inicial <valor1> asignado a la <variable>, esta se irá aumentando o disminuyendo según el paso <valor3> hasta llegar a tomar el valor <valor2>. Si no se indica el paso se asume que la variable de iteración aumenta de uno en uno. En R:

```
for (<variable> in seq(<valor1>, <valor2>, <valor3>)) {
  ...Acción/es...
```

```
}
```

Notar en el ejemplo de la quinta potencia que `1:5` es lo mismo que `seq(1, 5, 1)`, pero podemos usar la función `seq()` en otros contextos más complejos, donde la variable de iteración puede pegar otros saltos en lugar de uno en uno.

### 3.3.2. Estructuras de control iterativas con un número indeterminado de iteraciones

En otras circunstancias se puede necesitar repetir un bloque de acciones sin conocer con exactitud cuántas veces, si no que esto depende de algún otro aspecto del algoritmo. Las iteraciones pueden continuar *mientras que* o *hasta que* se verifique alguna condición, dando lugar a dos tipos de estructuras. Estos casos también se conocen como *bucles (loops) controlados por una condición*.

#### 3.3.2.1. Mientras que

El conjunto de sentencias se repite mientras que se siga evaluando como VERDADERO una condición declarada al inicio del bloque. Cuando la condición ya no se cumple, el proceso deja de ejecutarse. La sintaxis es:

```
MIENTRAS QUE <condición> HACER
    Acción/es a repetir
FIN MIENTRAS
```

En R:

```
while(<condición>) {
  ...Acción/es a repetir...
}
```

Observaciones:

- La evaluación de la condición se lleva a cabo antes de cada iteración, incluso antes de ejecutar el código dentro del bloque por primera vez. Si la condición es FALSO inicialmente, entonces las acciones en el cuerpo de la estructura no se ejecutan nunca.
- La evaluación de la condición **sólo** se lleva a cabo al inicio de cada iteración. Si la condición se vuelve FALSO en algún punto durante la ejecución de un bloque, el programa no lo nota hasta que se termine de ejecutar el bloque y la condición sea evaluada antes de comenzar la próxima iteración.

ALGORITMO: "Dividir un número por 2 hasta encontrar un valor menor que 0.01"

```
COMENZAR
  VARIABLE numérica x
  LEER x
  MIENTRAS QUE x >= 0.01 HACER
    x <- x / 2
    ESCRIBIR x
  FIN MIENTRAS
FIN
```

```
x <- 100
while (x >= 0.01) {
  x <- x / 2
  cat(x, "\n")
}
```

```
50
25
12.5
6.25
3.125
1.5625
0.78125
0.390625
```

```
0.1953125
0.09765625
0.04882812
0.02441406
0.01220703
0.006103516
```

### 3.3.2.2. Hasta que

A diferencia de la estructura *MIENTRAS QUE*, la estructura *HASTA QUE* repite el bloque de acciones hasta que se cumpla una condición, es decir, se ejecuta mientras que dicha condición sea evaluada como **FALSA**. La sintaxis es:

```
REPETIR
    Acción/es
HASTA QUE <condición>
```

Observación: con la estructura *MIENTRAS QUE* podría ser que el conjunto de sentencias nunca llegue a ejecutarse si desde partida la condición evaluada ya es falsa. Por el contrario, en la estructura *HASTA QUE* el proceso se realiza al menos una vez, dado que la condición se evalúa al final.

El ejemplo anterior empleando este tipo de estructura:

ALGORITMO: "Dividir un número por 2 hasta encontrar un valor menor que 0.01"  
COMENZAR

```
VARIABLE numérica x
LEER x
REPETIR
    x <- x / 2
    ESCRIBIR x
HASTA QUE x < 0.01
FIN
```

En R este tipo de estructura se implementa con la sentencia `repeat {}`. Si bien a continuación se muestra el correspondiente ejemplo, no vamos a utilizar esta estructura, debido a que su escritura es más compleja y a que generalmente es posible obtener el mismo resultado con un `while () {}`.

```
x <- 100
repeat {
    x <- x / 2
    cat(x, "\n")
    if (x < 0.01) break
}
```

```
50
25
12.5
6.25
3.125
1.5625
0.78125
0.390625
0.1953125
0.09765625
0.04882812
0.02441406
0.01220703
0.006103516
```

### 3.3.2.3. Loops infinitos

Con las sentencias de tipo **MIENTRAS QUE** se debe tener mucha precaución, puesto que si la evaluación lógica no está bien especificada o nunca deja de ser evaluada como **TRUE**, se incurre en un *loop* infinito: el programa nunca deja de repetir el bloque (al menos hasta que la máquina se tilde o se produzca un error por desbordamiento de memoria, por ejemplo).

La siguiente situación ilustra esto:

```
var <- 9
while (var < 10) {
  var <- var - 1
  cat("var =", var, "No puedo parar!!!\n")
}

var = 8 No puedo parar!!!
var = 7 No puedo parar!!!
var = 6 No puedo parar!!!
var = 5 No puedo parar!!!
var = 4 No puedo parar!!!
var = 3 No puedo parar!!!
var = 2 No puedo parar!!!
var = 1 No puedo parar!!!
var = 0 No puedo parar!!!
var = -1 No puedo parar!!!
...
...
```

## 3.4. Ejemplos

A continuación se presentan algunos otros ejemplos

- No necesariamente tiene que ser **i** la variable iteradora, podemos darle cualquier nombre:

```
for (guau in 1:5) {
  print(guau)
}

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

La sentencia **print()** también sirve para mostrar resultados. La ventaja con respecto a **cat()** es que no necesitamos agregar **\n** para que el siguiente mensaje se escriba en un nuevo renglón, ya que lo agrega por sí sola sin que lo pidamos. La desventaja es que no nos permite crear un mensaje combinando elementos separados entre comas, tal como se puede hacer con **cat()** (por ejemplo, **cat(.<sup>el</sup> valor de x es igual a", x)**).

- Acá tenemos un ejemplo de dos estructuras **for** anidadas. En primer lugar, **i** toma el valor 1, y entonces **j** varía de 1 a 2, generando las combinaciones **i = 1, j = 1; i = 1, j = 2**. Luego que **j** recorrió todo su campo de variación, se actualiza **i** y pasa a valer 2, generando las combinaciones **i = 2, j = 1; i = 2, j = 2**. Finalmente, se actualiza **i** y pasa a valer 3, generando las combinaciones **i = 3, j = 1; i = 3, j = 2**. Para cada combinación, se muestra el valor de la suma:

```
for (i in 1:3) {
  for (j in 1:2) {
    suma <- i + j
    cat("i vale", i, "y j vale", j, ". La suma es igual a", suma, "\n")
  }
}
```

```
i vale 1 y j vale 1 . La suma es igual a 2
i vale 1 y j vale 2 . La suma es igual a 3
i vale 2 y j vale 1 . La suma es igual a 3
i vale 2 y j vale 2 . La suma es igual a 4
i vale 3 y j vale 1 . La suma es igual a 4
i vale 3 y j vale 2 . La suma es igual a 5
```

- Sumar los números naturales del 1 al 5:

```
suma <- 0
for (i in 1:5) {
    suma <- suma + i
}
suma
```

[1] 15

- Sumar números naturales hasta que la suma pase el valor 100 y detenerse:

```
suma <- 0
i <- 1
while (suma < 100) {
    suma <- suma + i
    i <- i + 1
}
suma
```

[1] 105

- Escribir todos los múltiplos de 8 menores que 150:

ALGORITMO: "Múltiplos de 8 menores a 150"  
 COMENZAR  
     VARIABLE numérica multiplo  
     multiplo <- 8  
     MIENTRAS QUE multiplo < 150 HACER  
         ESCRIBIR multiplo  
         multiplo <- multiplo + 8  
     FIN MIENTRAS  
 FIN

```
# Programa: "Múltiplos de 8 menores a 150" -----
multiplo <- 8
while (multiplo < 150) {
    print(multiplo)
    multiplo <- multiplo + 8
}
```

[1] 8  
[1] 16  
[1] 24  
[1] 32  
[1] 40  
[1] 48  
[1] 56  
[1] 64  
[1] 72  
[1] 80  
[1] 88  
[1] 96  
[1] 104

- [1] 112
- [1] 120
- [1] 128
- [1] 136
- [1] 144

## Unidad 4

# Descomposición algorítmica

Un principio fundamental en la resolución de un problema es intentar descomponerlo en partes más pequeñas, que puedan ser más fáciles de afrontar. Este concepto también se aplica en la programación. Nuestros algoritmos pueden descomponerse en **subalgoritmos** que den solución a un aspecto del problema, de menor extensión. Este proceso se conoce como **descomposición algorítmica** o **descomposición modular**. Cada subalgoritmo debe ser independiente de los demás y a su vez podría seguir descomponiéndose en partes más sencillas en lo que se conoce como **refinamiento sucesivo**. Si un programa es muy largo se corre el riesgo de que sea muy difícil de entender como un todo, pero siempre se lo puede dividir en secciones más simples y manejables. Un subalgoritmo se escribe una vez y luego es utilizado por todos aquellos algoritmos que lo necesiten.

Cada vez que, como parte de la resolución de un problema, desde un algoritmo se solicita que se realicen las acciones establecidas por un subalgoritmo, se dice que se lo está **invocando** o **llamando**. Al algoritmo que invoca a los subalgoritmos a veces le decimos *algoritmo principal* para darle un mayor énfasis a la idea que, desde el curso de acción principal, cada tanto se delega la ejecución de algunas tareas al subalgoritmo.

El empleo de subalgoritmos, desarrollando por separado ciertas partes del problema, resulta especialmente ventajoso en los casos siguientes:

- **En algoritmos complejos:** si el algoritmo, y luego el programa, se escribe todo seguido y en un único archivo de código, resulta muy complicado de entender, porque se pierde la visión de su estructura global dada la gran cantidad de operaciones que lo conforman. Aislando ciertas partes como subalgoritmos separados se reduce la complejidad.
- **Cuando se repiten operaciones análogas:** si la resolución de un problema requiere realizar una tarea que se repite varias veces en el algoritmo, podemos definir dicha tarea como un subalgoritmo por separado. De esta manera, su código se escribirá sólo una vez aunque se use en muchos puntos del programa.

En este capítulo hay algunas secciones indicadas como “opcionales” y algunos comentarios agregados como notas al pie. Estas partes añaden información para quienes estén interesados en saber un poco más, pero su contenido no será requerido en la práctica ni en las evaluaciones.

### 4.1. Tipos de subalgoritmos

En el mundo de la programación existen muchos términos para definir distintos tipos de subalgoritmos: subrutinas, funciones, procedimientos, métodos, subprogramas, etc. No es posible obtener una definición que capture todas las variantes que existen en el uso de estos términos debido a que el significado de cada uno de ellos varía según el paradigma<sup>1</sup> y el lenguaje de programación escogidos. Qué se entiende por cada uno de ellos depende muchas veces del paradigma de programación empleado y del lenguaje escogido, por lo cual no existe una definición lo suficientemente general para cada uno.

Sin embargo, suele haber bastante consenso en distinguir, dentro de los subalgoritmos, a las **funciones** y a los **procedimientos** de esta forma:

- Una **función** es un subalgoritmo que al ser evaluado devuelve un único resultado (por ejemplo, un valor numérico) que es utilizado en el algoritmo principal que lo invoca.

<sup>1</sup>Se usa el término paradigma de programación para clasificar a los lenguajes según sus características. En este link se puede encontrar una breve descripción de los principales paradigmas de programación

- Un **procedimiento** es un subalgoritmo que al ser evaluado no devuelve un valor, sino que produce *efectos secundarios* en el ambiente del algoritmo principal que lo invoca. Persigue el objetivo de ayudar en la modularidad del programa.

## 4.2. Funciones

Una **función** es un subalgoritmo que devuelve un único resultado a partir de otros valores provistos. El valor que la función devuelve define su **tipo**, de modo que una función puede ser de tipo **numérica**, **caracter** o **lógica**<sup>2</sup>.

Para exemplificar, podemos decir que la noción de *función* en programación se asemeja a la idea matemática de *función de una o más variables*. Por ejemplo, podemos pensar en la función  $f(x, y) = x^2 + 3y$  (ejemplo 1). Si queremos saber cuál es el valor numérico de la función  $f$  cuando  $x$  toma el valor 4 e  $y$  toma el valor 5, reemplazamos en la expresión anterior las variables por los valores mencionados y obtenemos:  $f(4, 5) = 4^2 + 3 \times 5 = 31$ .

Podemos definir dicha función en pseudocódigo de la siguiente manera:

```
FUNCIÓN f(x: numérico, y: numérico): numérico
COMENZAR
    DEVOLVER x^2 + 3 * y
FIN FUNCIÓN
```

El primer renglón de la definición comienza con la palabra clave **FUNCIÓN** y termina, luego de los dos puntos, con la palabra **numérico** para indicar que esta función devuelve como resultado un valor numérico.

En el medio se encuentra el nombre elegido para la función (**f**), seguido por la declaración entre paréntesis de los *parámetros* o *argumentos* que la función necesita para operar, es decir, el *input* o información de entrada con la cual se realizarán las operaciones. Se dice que  $x$  e  $y$  son los **parámetros formales** o **ficticios**, ya que no tienen un valor asignado en sí mismos sino que permiten expresar de manera general las acciones que la función ejecuta. Describen lo que uno diría en palabras: “hay que tomar a  $x$ , elevarlo al cuadrado y sumarle la  $y$  multiplicada por 3”. Entre los paréntesis también se aclara que estos parámetros formales son de tipo numérico.

Los valores en los cuales se quiere evaluar la función se llaman **parámetros actuales** o **reales**. Por ejemplo, si nos interesa calcular  $f(4, 5)$ , los valores 4 y 5 son los parámetros actuales y se establece una correspondencia entre el parámetro formal  $x$  y el actual 4, así como entre la  $y$  y el 5. El resultado que se obtiene, como observamos antes, es 31 y este es el valor que la función *devuelve*.

La definición anterior también puede ser expresada como:

```
FUNCIÓN f(x: numérico, y: numérico): numérico
COMENZAR
    VARIABLE numérica resultado
    resultado <- x^2 + 3 * y
    DEVOLVER resultado
FIN FUNCIÓN
```

Aquí notamos que no debemos declarar a  $x$  e  $y$  puesto que son los parámetros de la función (quedan declarados entre los paréntesis en la primera línea). Sin embargo, sí declaramos cualquier otra nueva variable que sea creada dentro de la función, por ejemplo, la variable **resultado**.

De manera general, la definición de una función es:

```
FUNCIÓN nombre(lista de parámetros formales): tipo de resultado
COMENZAR
    Declaración de variables
    Acciones
    DEVOLVER valor
FIN FUNCIÓN
```

La palabra clave **DEVOLVER** provoca la inmediata finalización de la ejecución de la función e indica cuál es el resultado de la misma, cuyo tipo debe coincidir con el tipo de función declarado en el encabezado. La acción **DEVOLVER** se puede insertar en cualquier punto del cuerpo de la función y, además, es posible utilizar más de una sentencia **DEVOLVER** en una misma función, aunque sólo una llegue a ejecutarse. Esto puede verse en el siguiente ejemplo

---

<sup>2</sup>No siempre se pueden clasificar de esta forma a las funciones, ya que hay algunas que pueden devolver distintos tipos de valores según el caso o que devuelven otras clases de objetos.

(ejemplo 2):

```
FUNCIÓN maximo(num1: numérico, num2: numérico): numérico
COMENZAR
    SI num1 >= num2 ENTONCES
        DEVOLVER num1
    SI NO
        DEVOLVER num2
    FIN SI
FIN FUNCIÓN
```

Para usar una función en un algoritmo, se la invoca escribiendo su nombre seguido por los valores actuales entre paréntesis, separados por coma. Esta invocación representa un valor que puede ser usado como operando en otra expresión. Por ejemplo:

```
ALGORITMO: "Hallar el máximo entre dos valores y restarle 100"
COMENZAR
    VARIABLE numérica x, y, rtdo
    LEER x, y
    rtdo <- maximo(x, y) - 100
    ESCRIBIR "El resultado es " rtdo
FIN
```

Al invocar una función es obligatorio que los valores suministrados para los argumentos actuales entre los paréntesis correspondan en cantidad, tipo y orden con los argumentos formales de la definición de la función. Es por esto que los siguientes casos son ejemplos de un **uso incorrecto** de funciones en el algoritmo principal:

```
ALGORITMO: "Incorrecto por proveer pocos argumentos para la función"
COMENZAR
    VARIABLE numérica x, y, rtdo
    LEER x, y
    rtdo <- maximo(x) - 100
    ESCRIBIR "El resultado es " rtdo
FIN
```

```
ALGORITMO: "Incorrecto por proveer valores de tipo carácter para la función"
COMENZAR
    VARIABLE numérica rtdo
    VARIABLE carácter x, y
    x <- "chau"
    y <- "holá"
    rtdo <- maximo(x, y) - 100
    ESCRIBIR "El resultado es " rtdo
FIN
```

```
ALGORITMO: "Incorrecto por no proveer argumentos para la función"
COMENZAR
    VARIABLE numérica x, y, rtdo
    LEER x, y
    rtdo <- maximo - 100
    ESCRIBIR "El resultado es " rtdo
FIN
```

Para motivar el uso de una buena práctica que ayude a distinguir entre las acciones de los subalgoritmos y del algoritmo, vamos a escribir los subalgoritmos **antes y por fuera** del algoritmo principal<sup>3</sup>. Consideremos el ejemplo 3 mostrado a continuación. Primero definimos los subalgoritmos que necesitaremos (son los de los ejemplos 1 y 2) y luego escribiremos un algoritmo principal que hace uso de ellos para resolver un problema en particular:

---

<sup>3</sup>Es más, podríamos escribirlos y guardarlos en archivos distintos.

## SUBALGORITMOS

---

```

FUNCIÓN f(x: numérico, y: numérico): numérico
COMENZAR
    DEVOLVER x^2 + 3 * y
FIN FUNCIÓN

FUNCIÓN maximo(num1: numérico, num2: numérico): numérico
COMENZAR
    SI num1 >= num2 ENTONCES
        DEVOLVER num1
    SI NO
        DEVOLVER num2
    FIN SI
FIN FUNCIÓN

```

---

## ALGORITMO PRINCIPAL

---

```

ALGORITMO: "Realizar operaciones matemáticas muy importantes"
COMENZAR
    VARIABLE numérica rtdo1, rtdo2, rtdo3
    rtdo1 <- f(2, 5)
    rtdo2 <- f(3, 10)
    rtdo3 <- maximo(rtdo1, rtdo2) + 20
    ESCRIBIR "El resultado es " rtdo3
FIN

```

¿Qué mensaje escribe el algoritmo anterior?

## 4.3. Funciones en R

En la sección anterior vimos cómo definir funciones en pseudocódigo. Antes de pasar a ver cómo programar nuestras funciones en R, vamos a comentar algunas cuestiones acerca de las funciones que R ya trae disponibles como parte de su funcionalidad básica.

### 4.3.1. Funciones predefinidas de R

R, como todo lenguaje de programación, tiene **funciones predefinidas**, es decir, sentencias que se encargan de realizar alguna actividad. Ya estuvimos usando algunas de ellas, por ejemplo, cuando hemos necesitado mostrar algún mensaje usamos las funciones `cat()` o `print()`<sup>4</sup>. Además, existen muchas otras funciones predefinidas, como todas aquellas que se necesitan para realizar ciertas operaciones matemáticas:

```
# Raíz cuadrada
sqrt(100)
```

```
[1] 10
```

```
# Valor absoluto
abs(100)
```

```
[1] 100
```

---

<sup>4</sup>Sentencias como `for`, `while` o `if` también son funciones, aunque con una estructura muy particular.

```
# Función exponencial
exp(100)
```

```
[1] 2.688117e+43
```

```
# Logaritmo natural
log(100)
```

```
[1] 4.60517
```

En los ejemplos anteriores, 100 representa un valor numérico que se pasa como argumento a la función para que la misma opere. Algunas funciones predefinidas en R pueden trabajar con más de un argumento, en cuyo caso hay que enumerarlos dentro de los paréntesis, separados con comas. Por ejemplo, si en lugar de calcular el logaritmo natural (cuya base es la constante matemática  $e$ ), queremos calcular un logaritmo en base 10, podemos hacer lo siguiente:

```
# Logaritmo de 100 en base 10
log(100, 10)
```

```
[1] 2
```

¿Cómo sabemos que la función `log()` se puede usar de esa forma, cambiando el valor de la base con respecto a la cual toma el logaritmo? Lo aprendemos al leer el manual de ayuda de R. Toda función predefinida de R viene con un instructivo que detalla cómo se usa, qué argumentos incluye y otras aclaraciones. Lo encontramos en la pestaña de Ayuda (*Help*) en el panel de abajo a la derecha en RStudio. Otras formas de abrir la página de ayuda sobre una función es correr en la consola alguna de estas sentencias:

```
help(log)
?log
```

Esa página de ayuda tiene bastante información, porque reúne información sobre muchas funciones relacionadas con logaritmos y exponentiales, pero podemos detenernos en la parte resaltada que se muestra a continuación:

### Usage

```
log(x, base = exp(1))
logb(x, base = exp(1))
log10(x)
log2(x)

log1p(x)

exp(x)
expm1(x)
```

### Arguments

`x` a numeric or complex vector.  
`base` a positive or complex number: the base with respect to which logarithms are computed. Defaults to `e=exp(1)`.

Figura 4.1: Captura de pantalla de la ayuda sobre la función `log()`

En la sección *Usage* (“uso”) descubrimos que la función `log()` puede usarse con dos argumentos: `x` y `base`. En la sección *Arguments* entendemos que `x` es el número al cual le vamos a sacar el logaritmo y `base` es la base con respecto a la cual se toma el logaritmo. Por eso, al correr `log(100, 10)`, estamos calculando el logaritmo de `x = 100` con `base = 10`.

Vemos, además, una diferencia en la forma en que `x` y `base` aparecen en la descripción: `log(x, base = exp(1))`. Cuando un argumento tiene un signo `=` significa que tiene asignado un **valor por default** y que no es necesario usarlo. Por eso, cuando corremos `log(100)` estamos calculando el logaritmo de `x = 100` con la base elegida por R por defecto: `base = exp(1)`, que es la forma que tiene R de nombrar a la constante  $e = 2.718282\dots$  (es el logaritmo natural). Si quiero cambiar la base, debo proveer un valor, por ejemplo, `log(100, 10)`. Por el contrario,

el argumento `x` no tiene asignado un valor por default. Eso significa que obligatoriamente tenemos que proveer un valor para el mismo.

R también permite usar una función escribiendo los nombres de los argumentos (es decir, detallando tanto los parámetros formales como los actuales), lo cual muchas veces es muy esclarecedor:

```
log(x = 100, base = 10)
```

```
[1] 2
```

Es más, si escribimos los nombres de los parámetros explícitamente, podemos cambiar su orden, sin alterar el resultado:

```
log(base = 10, x = 100)
```

```
[1] 2
```

Si no escribimos los nombres, el orden importa:

```
log(100, 10)
```

```
[1] 2
```

```
log(10, 100)
```

```
[1] 0.5
```

Al no tener los nombres indicados explícitamente, R hace corresponder los parámetros formales `x` y `base` con los valores provistos en ese orden: en el primer caso `x` recibe el valor 100 y `base`, el valor 10, mientras que en el segundo caso es al revés.

Finalmente, se debe observar que no es necesario invocar a la función escribiendo de forma directa los valores entre los paréntesis, sino que en su lugar pueden ir variables:

```
x <- 100
y <- x / 2
z <- 4
log(x - y, 4)      # Log en base 4 de x - y
```

```
[1] 2.821928
```

### 4.3.2. Definición de nuevas funciones en R

Ahora que ya hemos visto cómo se trabaja con funciones en R de manera general, vamos a aprender a definir nuestras propias funciones. Recordemos el subalgoritmo del ejemplo 1:

```
FUNCIÓN f(x: numérico, y: numérico): numérico
COMENZAR
    VARIABLE numérica resultado
    resultado <- x^2 + 3 * y
    DEVOLVER resultado
FIN FUNCIÓN
```

En R, definimos esta función así:

```
f <- function(x, y) {
  resultado <- x^2 + 3 * y
  return(resultado)
}
```

La estructura general es:

```
nombre <- function(argumentos) {
  ... sentencias de R ...
}
```

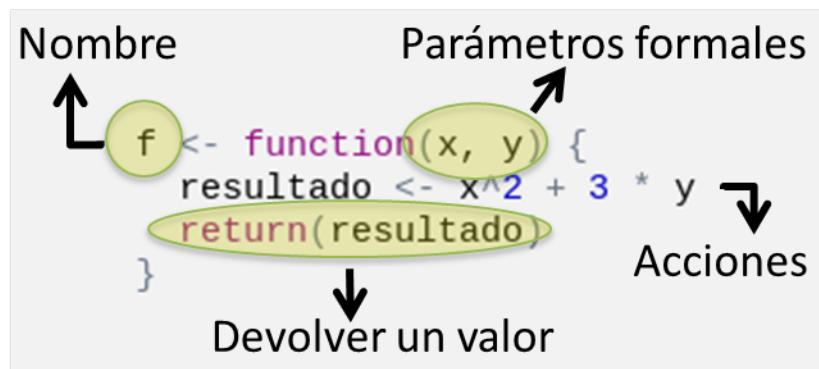


Figura 4.2: Estructura de una función en R

Debemos:

1. Elegir un nombre
2. Al lado del nombre, colocar el operador de asignación (`<-`) para asociar a ese nombre la definición de una función.
3. Escribir la sentencia `function(...){...}`, donde entre paréntesis se definen todos los parámetros formales separados con coma y entre llaves el conjunto de acciones a englobar.
4. El valor que la función debe arrojar como resultado se encierra dentro de la sentencia `return()`, que indica el fin de la ejecución.

Una vez que la definición de la función es ejecutada, pasa a formar parte de los elementos que conforman al ambiente, como se puede apreciar al verla listada como un objeto más en el panel *Environment* de RStudio<sup>5</sup>. A partir de este momento, podemos utilizarla, como parte de otro programa. Para invocarla, escribimos el nombre de la función y entre paréntesis los valores que nos interesan para el cálculo (parámetros actuales). Por ejemplo:

```
# Ejemplos de uso de la función f
f(4, 5)
```

```
[1] 31
```

```
f(6, -5)
```

```
[1] 21
```

```
f(0, 0)
```

```
[1] 0
```

Recordando lo discutido en la sección anterior, podemos apreciar que los siguientes usos de la función `f()` son equivalentes:

```
f(4, 5)
```

```
[1] 31
```

```
f(x = 4, y = 5)
```

```
[1] 31
```

```
f(y = 5, x = 4)
```

```
[1] 31
```

Sin embargo, no son equivalentes los siguientes:

<sup>5</sup>Sí, las funciones que creamos también son *objetos* para R, ya que son una pieza que guarda algún tipo de información. Las funciones en R son objetos de clase “function”. Ver, por ejemplo, `class(f)`

```
# Siguiendo el orden de definición, x recibe el valor 4, y recibe el 5:  
f(4, 5)
```

[1] 31

```
# Siguiendo el orden de definición, x recibe el valor 5, y recibe el 4:  
f(5, 4)
```

[1] 37

A continuación, podemos ver casos que generan error por hacer un uso incorrecto de la función (¿por qué?):

```
# Error por omitir un argumento de uso obligatorio (x recibe 4, falta y)  
f(4)
```

Error in f(4): argument "y" is missing, with no default

```
# Error por proveer más argumentos de los declarados en la definición  
f(4, 5, 6)
```

Error in f(4, 5, 6): unused argument (6)

Retomemos ahora el ejemplo 3. Mencionamos que es importante distinguir entre la definición de los subalgoritmos y la de un algoritmo principal que los invoca:

#### SUBALGORITMOS

FUNCIÓN f(x: numérico, y: numérico): numérico

COMENZAR

    DEVOLVER  $x^2 + 3 * y$

FIN FUNCIÓN

FUNCIÓN maximo(num1: numérico, num2: numérico): numérico

COMENZAR

    SI num1  $\geq$  num2 ENTONCES

        DEVOLVER num1

    SI NO

        DEVOLVER num2

    FIN SI

FIN FUNCIÓN

#### ALGORITMO PRINCIPAL

ALGORITMO: "Realizar operaciones matemáticas muy importantes"

COMENZAR

    VARIABLE numérica rtdo1, rtdo2, rtdo3

    rtdo1 <- f(2, 5)

    rtdo2 <- f(3, 10)

    rtdo3 <- maximo(rtdo1, rtdo2) + 20

    ESCRIBIR "El resultado es " rtdo3

FIN

Esta distinción también es importante en R: la definición de las funciones debe ejecutarse antes de que las mismas sean llamadas desde el programa principal. Así, para traducir el pseudocódigo anterior a R, podríamos crear un archivo de código (llamado, por ejemplo, `ejemplo3.R`) con el siguiente contenido:

```

# -----
# DEFINICIÓN DE FUNCIONES
# -----


f <- function(x, y) {
  resultado <- x^2 + 3 * y
  return(resultado)
}

maximo <- function(num1, num2) {
  if (num1 > num2) {
    return(num1)
  } else {
    return(num2)
  }
}

# -----
# PROGRAMA PRINCIPAL
# -----


rtdo1 <- f(2, 5)
rtdo2 <- f(3, 10)
rtdo3 <- maximo(rtdo1, rtdo2) + 20
cat("El resultado es", rtdo3)

```

El resultado es 59

#### 4.4. Documentación de los subalgoritmos

En el contexto de la programación, documentar significa escribir indicaciones para que otras personas puedan entender lo que queremos hacer en nuestro código o para que sepan cómo usar nuestras funciones. Por ejemplo, como vimos antes todas funciones predefinidas de R están documentadas para que podamos buscar ayuda si la necesitamos. Cuando estamos creando nuestras propios subalgoritmos, es importante que también incluyamos comentarios para guiar a otras personas (y a nosotros mismos en el futuro si nos olvidamos) para qué y cómo se usa lo que estamos desarrollando.

Para ilustrar esto, vamos a recordar que en la práctica 2 escribimos un algoritmo para el cálculo de factoriales. Dado que los mismos son muy útiles en variadas aplicaciones, podemos escribir un subalgoritmo que se encargue de obtenerlos. Luego, escribiremos un algoritmo para mostrar todos los factoriales de los números 1 a 10.

---

SUBALGORITMOS

---

```

#-----
# Función fact
# Calcula el factorial de números enteros no negativos
# Entrada:
#   - n, entero no negativo
# Salida:
#   - el factorial de n
#-----

FUNCIÓN fact(n: numérico): numérico
COMENZAR
  VARIABLE numérica resultado
  resultado <- 1

```

```

SI n > 0 ENTONCES
    PARA i DESDE 1 HASTA n HACER
        resultado <- resultado * i
    FIN PARA
FIN SI
DEVOLVER resultado
FIN FUNCIÓN

```

## ALGORITMO PRINCIPAL

ALGORITMO: "Mostrar los factoriales de los 10 primeros naturales"  
COMENZAR

```

PARA j DESDE 1 HASTA 10 HACER
    ESCRIBIR "El factorial de " j " es igual a " fact(j)
    FIN PARA
FIN

```

En R:

```

# -----
# DEFINICIÓN DE FUNCIONES
# ----

#-----
# Función fact
# Calcula el factorial de números enteros no negativos
# Entrada:
#     - n, entero no negativo
# Salida:
#     - el factorial de n
#-----

fact <- function(n) {
  resultado <- 1
  if (n > 0) {
    for (i in 1:n) {
      resultado <- resultado * i
    }
  }
  return(resultado)
}

# -----
# PROGRAMA PRINCIPAL: Mostrar los factoriales de los 10 primeros naturales
# -----
for (j in 1:10) {
  cat("El factorial de", j, "es igual a", fact(j), "\n")
}

```

El factorial de 1 es igual a 1  
 El factorial de 2 es igual a 2  
 El factorial de 3 es igual a 6  
 El factorial de 4 es igual a 24  
 El factorial de 5 es igual a 120  
 El factorial de 6 es igual a 720  
 El factorial de 7 es igual a 5040  
 El factorial de 8 es igual a 40320

El factorial de 9 es igual a 362880  
 El factorial de 10 es igual a 3628800

## 4.5. Pasaje de parámetros

Los algoritmos y subalgoritmos comunican información entre sí a través de los parámetros o argumentos. Esta comunicación recibe el nombre de **pasaje de argumentos** y se puede realizar de dos formas: *por valor* o *por referencia*. Algunos lenguajes de programación trabajan con uno u otro sistema, mientras que otros lenguajes permiten el uso de ambos.

### 4.5.1. Pasaje por valor

En este caso, los argumentos representan valores que se transmiten **desde** el algoritmo **hacia** el subalgoritmo. El **pasaje por valor** implica que los objetos del algoritmo provistos como argumentos en la llamada al subalgoritmo no serán modificados por la ejecución del mismo. Este sistema funciona de la siguiente forma:

1. Se evalúan los argumentos actuales usados en la invocación al subalgoritmo.
2. Los valores obtenidos se *copian* en los argumentos formales dentro del subalgoritmo.
3. Los argumentos formales se usan como variables dentro del subalgoritmo. Aunque los mismos sean modificados (por ejemplo, se les asignen nuevos valores), no se modifican los argumentos actuales en el algoritmo, sólo sus copias dentro del subalgoritmo.

Veamos un ejemplo:

---

#### SUBALGORITMOS

---

```
FUNCIÓN fun(x: numérico, y: numérico): numérico
COMENZAR
  x <- x + 1
  DEVOLVER x + y
FIN FUNCIÓN
```

---

#### ALGORITMO PRINCIPAL

---

```
ALGORITMO: "Ejemplo de pasaje de argumentos"
COMENZAR
  VARIABLE numérica a, b, c
  a <- 3
  b <- 5
  c <- fun(a, b - a)
  ESCRIBIR a b c
FIN
```

Si el pasaje de argumentos se hace por valor, los cambios producidos en el cuerpo de la función sobre los parámetros formales no son transmitidos a los parámetros actuales en el algoritmo principal. Esto significa que los formales son una “copia” de los actuales. Los pasos que sigue el algoritmo son:

1. En el algoritmo principal, se asignan los valores:  $a = 3$ ,  $b = 5$ .
2. Al invocar la función, se establece la correspondencia:  $x = 3$ ,  $y = 5 - 3 = 2$ .
3. Primera línea de la función:  $x = 3 + 1 = 4$ .
4. La función devuelve el valor  $x + y = 4 + 2 = 6$ .
5. De regreso en el algoritmo principal:  $c$  recibe el valor 6.
6. El algoritmo escribe: 3 5 6.

En R, el pasaje de argumentos es **por valor**. Por lo tanto, este tipo de comportamiento es lo que vemos cuando

implementamos el ejemplo discutido<sup>6</sup>:

```
# -----
# DEFINICIÓN DE FUNCIONES
# -----
fun <- function(x, y) {
  x <- x + 1
  return(x + y)
}

# -----
# PROGRAMA PRINCIPAL
# -----
a <- 3
b <- 5
c <- fun(a, b - a)
cat(a, b, c)
```

3 5 6

#### 4.5.2. Pasaje por referencia

En este caso, los argumentos no sólo representan valores que se transmiten desde el algoritmo hacia el subalgoritmo, sino también desde el subalgoritmo al algoritmo. Esto sirve en las situaciones en las que se quiere que el subalgoritmo pueda modificar las variables del algoritmo principal que se pasaron como argumentos. De esta manera, un subalgoritmo puede producir uno o varios efectos secundarios en el ambiente del algoritmo.

Si un parámetro se pasa por referencia, todos los cambios que experimente dentro del subalgoritmo se producirán también en la variable externa pasada como argumento. Esto se debe a que la información que es pasada desde el algoritmo al subalgoritmo es la dirección en la memoria de la computadora donde se halla almacenado el parámetro actual, es decir, se pasa una referencia a la variable, no el valor que contiene.

Este sistema funciona de la siguiente forma:

1. Se seleccionan las variables usadas como argumentos actuales.
2. Se asocia cada variable con el argumento formal correspondiente.
3. Los cambios que experimenten los argumentos formales se reflejan también en los argumentos actuales de origen.

Retomemos el ejemplo anterior:

---

SUBALGORITMOS

---

```
FUNCIÓN fun(x: numérico, y: numérico): numérico
COMENZAR
  x <- x + 1
  DEVOLVER x + y
FIN FUNCIÓN
```

---

ALGORITMO PRINCIPAL

---

ALGORITMO: "Ejemplo de pasaje de argumentos"

<sup>6</sup>**Nota:** En general, se desalienta la reasignación de valor a los parámetros de la función por resultar confuso. Esto quiere decir que en el ejemplo anterior, para evitar ambigüedades, sería recomendable reemplazar `x <- x + 1` y `DEVOLVER x + y` por algo como `z <- x + 1` y `DEVOLVER z + y`, de modo que no se sobreescriba el valor del parámetro `x` y se use otra variable `z`.

COMENZAR

```
VARIABLE numérica a, b, c
a <- 3
b <- 5
c <- fun(a, b - a)
ESCRIBIR a b c
```

FIN

Si el pasaje de argumentos se hace por referencia, los pasos que sigue el algoritmo son:

1. En el algoritmo principal, se asignan los valores:  $a = 3$ ,  $b = 5$ .
2. Al invocar la función, se establece la correspondencia:  $x = 3$ ,  $y = 5 - 3 = 2$ .
3. Primera línea de la función:  $x = 3 + 1 = 4$ . El parámetro actual asociado con  $x$ ,  $a$ , sufre el mismo cambio y recibe el valor 4 ( $a = 4$ ).
4. La función devuelve el valor  $x + y = 4 + 2 = 6$ .
5. De regreso en el algoritmo principal:  $c$  recibe el valor 6.
6. El algoritmo escribe: 4 5 6.

Debe notarse que los resultados difieren dependiendo del tipo de pasaje de argumentos empleado <sup>7</sup>. R no trabaja con pasaje por referencia (aunque es posible forzar a que haga algo similar, si así se lo desea).

## 4.6. Ámbito de las variables

En todo lenguaje de programación se le dice **ámbito** o **scope** a la región del programa donde una variable definida existe y es visible, tal que fuera de dicha región no se puede acceder a la misma <sup>8</sup>. Según el ámbito en el que existen, las variables pueden considerarse *locales* o *globales*.

### 4.6.1. Variables locales

Las variables declaradas dentro de un subalgoritmo (por ejemplo, dentro de una función) se llaman **variables locales**. Sólo pueden ser usadas por las sentencias que están dentro de esa función, mientras que el programa principal u otros subalgoritmos desconocen su existencia y no las pueden usar. Las *variables locales* residen en el *ambiente local* de un subalgoritmo y no tienen nada que ver con las variables que puedan ser declaradas con el mismo nombre en otros lugares<sup>9</sup>. En el siguiente ejemplo, las variables **a** y **b** son locales a la función **f1** y no se pueden usar desde el programa principal, porque dejan de existir una vez que termina la ejecución de **f1**:

---

SUBALGORITMOS

---

FUNCTION f1(x: numérico): numérico

COMENZAR

```
VARIABLE numérica a, b
a <- x - 10
b <- x + 10
DEVOLVER a + b
```

FIN FUNCIÓN

---

ALGORITMO PRINCIPAL

---

ALGORITMO: "Ejemplo"

COMENZAR

<sup>7</sup>Para diferenciar subalgoritmos con pasaje por referencia, algunos autores sugieren distinguir la declaración de los parámetros formales con algún símbolo, por ejemplo &.

<sup>8</sup>No sólo las variables pertenecen a un ámbito, sino todos los objetos que se puedan crear, sean estos variables, constantes o subalgoritmos.

<sup>9</sup>Cuando otro subalgoritmo utiliza el mismo nombre se refiere a una posición diferente en memoria.

```
VARIABLE numérica z
z <- f1(50)
ESCRIBIR z
ESCRIBIR z + a    ---LÍNEA CON ERROR---
FIN
```

```
# -----
# DEFINICIÓN DE FUNCIONES
# -----
```

```
f1 <- function(x) {
  a <- x - 10
  b <- x + 10
  return(a + b)
}
```

```
# -----
# PROGRAMA PRINCIPAL
# -----
```

```
z <- f1(50)
z
```

[1] 100

z + a

Error in eval(expr, envir, enclos): object 'a' not found

El error se genera porque el algoritmo principal quiere usar a la variable **a**, la cual es local a la función **f1()** y sólo existe dentro de la misma.

El uso de *variables locales* tiene muchas ventajas. Permiten independizar al subalgoritmo del algoritmo principal, ya que las variables definidas localmente en un subalgoritmo no son reconocidas fuera de él. La comunicación entre el subalgoritmo y el algoritmo principal se da exclusivamente a través de la lista de parámetros. Esta característica hace posible dividir grandes proyectos en piezas más pequeñas y que, por ejemplo, diferentes programadores puedan trabajar independientemente en un mismo proyecto.

#### 4.6.2. Variables globales

Las variables globales son las que se definen fuera de una función, mantienen su valor a lo largo de todo el programa y pueden ser usadas dentro de las funciones, aún cuando no se la pasemos como argumento. En el ejemplo anterior **z** es una variable global<sup>10</sup>. Las *variables globales* residen en el *ambiente global* del algoritmo.

El siguiente ejemplo muestra cómo la función **f2** puede hacer uso de una variable global y que fue definida fuera de ella, en el programa principal<sup>11</sup>:

---

SUBALGORITMOS

---

```
FUNCTION f2(x: numérico): numérico
COMENZAR
  VARIABLE numérica a
  a <- x * y
  DEVOLVER a
```

<sup>10</sup>f1 también es global: todo tipo de objeto, incluso las funciones, pertenecen a un determinado ambiente

<sup>11</sup>Algunos autores sugieren agregar la palabra *GLOBAL* o *LOCAL* en la declaración de las variables para distinguir su ambiente, por ejemplo, poner dentro de f2 VARIABLE LOCAL numérica a y en el algoritmo VARIABLE GLOBAL y, pero no seguiremos esta práctica para ganar en sencillez de escritura. También algunos lenguajes de programación requieren señalar de alguna manera especial a las variables globales.

---

FIN FUNCIÓN

---



---

ALGORITMO PRINCIPAL

---

ALGORITMO: "Ejemplo"

COMENZAR

```
VARIABLE numérica y
y <- 20
ESCRIBIR f2(2)
y <- 18
ESCRIBIR f2(2)
```

FIN

```
# -----
# DEFINICIÓN DE FUNCIONES
# -----
```

```
f2 <- function(x) {
  a <- x * y
  return(a)
}
```

```
# -----
# PROGRAMA PRINCIPAL
# -----
```

```
y <- 20
f2(2)
```

[1] 40

```
y <- 18
f2(2)
```

[1] 36

La función pudo hacer uso de la variable global `y` sin haberse comunicado con el programa principal a través de los argumentos. Esta práctica no es recomendable: si bien evaluemos `f2(2)` dos veces, el resultado no fue el mismo, porque depende de cuánto vale `y` en el ambiente global en el momento que `f2` es invocada. Además de ser confuso, esto es una violación al principio de *transparencia referencial*: un subalgoritmo sólo debe utilizar elementos mencionados en la lista de argumentos o definidos localmente, sin emplear variables globales. En particular, si hablamos de una función donde el pasaje de parámetros es por valor, esta práctica garantiza que la misma siempre devuelva el mismo resultado cada vez que sea invocada con los mismos valores en los argumentos de entrada, sin producir ningún efecto secundario en el algoritmo principal. El uso de variables globales permite escribir subalgoritmos que carecen de transparencia referencial.

Un algoritmo puede usar el mismo nombre para variables locales y globales, pero dentro de una función toma precedencia la variable local. En el siguiente ejemplo, hay una variable global `a` en el programa principal que recibe el valor 70. Y hay otra variable `a` que es local a la función `f3`. Cuando `f3` calcula `a + b`, lo hace con el valor de su variable local (`x - 10`) y no con el valor de la variable global (70):

---

SUBALGORITMOS

---

FUNCIÓN `f3(x: numérico): numérico`

COMENZAR

```

VARIABLE numérica a, b
a <- x - 10
b <- x + 10
ESCRIBIR "Acá, dentro de la f3, el valor de a es", a
DEVOLVER a + b
FIN FUNCIÓN

```

---

ALGORITMO PRINCIPAL

---

```

ALGORITMO: "Ejemplo"
COMENZAR
    VARIABLE numérica a, z
    a <- 70
    z <- f3(50)
    ESCRIBIR z
    ESCRIBIR "Acá, en el programa principal, el valor de a es", a
    ESCRIBIR a + z
FIN

```

```

# -----
# DEFINICIÓN DE FUNCIONES
# -----

f3 <- function(x) {
  a <- x - 10
  b <- x + 10
  cat("Acá, dentro de la f3, el valor de a es", a)
  return(a + b)
}

# -----
# PROGRAMA PRINCIPAL
# -----

a <- 70
z <- f3(50)

```

```
Acá, dentro de la f3, el valor de a es 40
```

```
z
```

```
[1] 100
```

```
cat("Acá, en el programa principal, el valor de a es", a)
```

```
Acá, en el programa principal, el valor de a es 70
```

```
a + z
```

```
[1] 170
```

Se debe prestar atención que con la sentencia **ESCRIBIR** o la función **cat()** en R se muestra en pantalla un mensaje en el momento en el que se ejecuta esa acción. Si el mensaje incluye mostrar valores guardados en objetos, se mostrarán los valores que los mismos tienen en ese momento. Por otro lado, lo devuelto por la sentencia **DEVOLVER** o la función **return()** es el resultado de la ejecución de la función: el valor que la función entrega puede ser asignado a otro objeto en el algoritmo principal, como ocurre en la línea de **z <- f3(50)**.

## 4.7. Otros tópicos de lectura opcional

### 4.7.1. La función source()

Cuanto más grande o complejo es el problema a resolver, más funciones deben ser programadas y no es necesario escribirlas a todas en el mismo archivo de código del programa principal. Para ser más ordenados, podemos escribir nuestras funciones en uno o más archivos separados. Si hacemos esto, en el comienzo del script del programa principal debemos incluir una sentencia para que en primer lugar se ejecute el código guardado en esos otros archivos, de modo que las funciones sean definidas y formen parte del ambiente global.

Consideremos otra vez el ejemplo de la función para el cálculo de factoriales. Podemos guardar el código de esta función (y otras si hubiese) en un archivo llamado **funciones.R**, con el siguiente contenido:

```
# -----
# Función fact
# Calcula el factorial de números enteros no negativos
# Entrada:
#     - n, entero no negativo
# Salida:
#     - el factorial de n
# -----
fact <- function(n) {
  resultado <- 1
  if (n > 0) {
    for (i in 1:n) {
      resultado <- resultado * i
    }
  }
  return(resultado)
}
```

Luego, en cualquier problema que requiera el cálculo de factoriales, vamos a pedirle a R que ejecute el código guardado en el archivo **funciones.R** con la sentencia **source()**, como paso inicial en el archivo donde estemos escribiendo el programa principal. Por ejemplo:

```
# -----
# PROGRAMA PRINCIPAL: Mostrar los factoriales de los 10 primeros naturales
# -----
source("C:/Documentos/Facultad/IALP/funciones.R")

for (j in 1:10) {
  cat("El factorial de", j, "es igual a", fact(j), "\n")
```

Gracias a **source()** todas las funciones definidas en el archivo **funciones.R** aparecerán en el entorno y no hay necesidad ni siquiera de abrirlo. Notar que C:/Documentos/Facultad/IALP/ es la dirección o *path* de la carpeta en la computadora donde hayas guardado el archivo **funciones.R**.

### 4.7.2. Sentencia return

La sentencia **return()** puede omitirse. R devuelve el resultado de la última expresión analizada. Por eso, las siguientes funciones son equivalentes:

```
g1 <- function(x, y) {
  resultado <- x^2 + 3 * y
  return(resultado)
}
g1(4, 5)
```

```
[1] 31
```

```
g2 <- function(x, y) {
  x^2 + 3 * y
}
g2(4, 5)
```

```
[1] 31
```

De todos modos, es aconsejable usar `return()` para ganar en claridad. Además, en funciones más complejas, su uso puede ser indispensable para indicar el término de la evaluación de la función.

#### 4.7.3. Argumentos con valores asignados por defecto

Hemos visto que algunos argumentos de las funciones predefinidas de R tienen valores asignados por defecto, como es el caso de la función `log()`, que a menos que indiquemos otra cosa opera con la base natural. Cuando definimos nuestras propias funciones, también es posible asignarle un valor por defecto a uno o más de sus argumentos. Tomemos el primer ejemplo de este capítulo:

```
f <- function(x, y) {
  resultado <- x^2 + 3 * y
  return(resultado)
}
f(4, 5)
```

```
[1] 31
```

Esta función también podría ser definida así:

```
nueva_f <- function(x, y = 100) {
  resultado <- x^2 + 3 * y
  return(resultado)
}
```

Esto significa que si no proveemos un valor para el argumento `y`, a este se le asignará por default el valor 100. Luego:

```
nueva_f(4)
```

```
[1] 316
```

En el caso anterior, se hace corresponder el 4 al primer argumento de la función, `x`, y como no hay ningún otro parámetro actual que le estemos pasando a la función, la misma le asigna a `y` el valor 100 y calcula:  $x^2 + 3 * y = 16 + 300 = 316$ . Sin embargo, podemos, como antes, proveer cualquier otro valor para `y`, de modo que no se use el valor por default:

```
nueva_f(4, 5)
```

```
[1] 31
```

Como `x` no tiene valor asignado por default en la función `nueva_f()`, siempre debemos pasarle un valor. En caso contrario, recibiremos un error:

```
nueva_f()
```

```
Error in nueva_f(): argument "x" is missing, with no default
```

```
nueva_f(y = 5)
```

```
Error in nueva_f(y = 5): argument "x" is missing, with no default
```

#### 4.7.4. Modificar una variable global desde el cuerpo de una función en R

Hemos dicho que una función recibe información desde el programa principal a través de sus parámetros, y envía información al mismo mediante el valor que devuelve. Sin embargo, es posible alterar el comportamiento para que sea capaz de producir efectos secundarios, por ejemplo, modificando el valor de una variable global, violando así el principio de transparencia referencial.

Los siguientes ejemplos definen dos funciones con un único argumento, `x`, pero que en su cuerpo hacen uso de una variable global, `y`, definida el algoritmo principal (estos casos violan el principio de transparencia referencial, su práctica no es recomendable). La diferencia entre ellas es que `g1()` modifica el valor de `y` dentro de la función, pero el valor de `y` en el ambiente global no es alterado; mientras que `g2()` cambia el valor de `y` no sólo localmente, sino también en el ambiente global. Esto se logra mediante el uso del operador `<<-12`.

```
# -----
# DEFINICIÓN DE FUNCIONES
# -----
```

```
g1 <- function(x) {
  y <- y + 100
  return(x / y)
}

g2 <- function(x) {
  y <<- y + 100
  return(x / y)
}

# -----
# PROGRAMA PRINCIPAL
# -----
```

```
# Caso 1: el valor de y en el ambiente global no es modificado por g1
x <- 500
y <- 50
z <- g1(x)
cat(x, y, z)
```

500 50 3.333333

```
# Caso 2: el valor de y en el ambiente global es modificado por g2
x <- 500
y <- 50
z <- g2(x)
cat(x, y, z)
```

500 150 3.333333

Nuevamente, esta forma de trabajo no es aconsejable porque estamos produciendo *efectos secundarios* desde la función en el ambiente global que pueden pasar desapercibidos si no estamos muy atentos. Así como la mejor práctica es pasar toda la información desde el programa principal hacia la función a través de sus parámetros, también es recomendable que toda comunicación desde la función hacia el programa principal se realice a través del valor (u objeto) que la función devuelve, sin producir efectos secundarios (transparencia referencial).

---

<sup>12</sup>En realidad, el operador `<<-` trabaja de forma más compleja que lo mencionado en esta guía. En programas más elaborados de R, pueden haber ambientes anidados y este operador iniciará una búsqueda desde el ambiente actual hacia los superiores hasta encontrar una variable que se llame `y` para asignarle un valor. En este caso sencillo, sólo hay dos ambientes, el de la función `g2` y el global. Por lo tanto el operador `<<-` hace que se le asigne un valor a la variable `y` en el global.

#### 4.7.5. Procedimientos

Un **procedimiento** es un subalgoritmo que agrupa una acción o conjunto de acciones, dándoles un nombre por el que se las puede identificar posteriormente. Se diferencia de la función en que no tiene como objetivo, en general, devolver un valor, sino sólo contribuir a la descomposición o modularidad del programa. R no trabaja con el concepto de *procedimiento*, sino que todo tipo de subalgoritmo se genera con la misma estructura de `function(...){...}`<sup>13</sup>. Como en las funciones, desde el algoritmo principal se pasan valores al procedimiento utilizando **parámetros** o **argumentos**, aunque también puede haber procedimientos que carezcan de los mismos. Para usar un procedimiento hay que invocarlo, escribiendo su nombre y a continuación, si los hay, los valores de los argumentos actuales para esa llamada, separados por comas. Aquí también los argumentos actuales deben ser compatibles en cuanto a la cantidad, tipo y orden que los argumentos formales declarados en la definición del procedimiento.

En el siguiente ejemplo podemos identificar los argumentos actuales `a` (con el valor 5), `b` (con el valor 2), `c` y `d` (sin valores asignados inicialmente). Cuando el procedimiento `proced1` es invocado, se establece una correspondencia con los argumentos formales `n1`, `n2`, `n3` y `n4`, respectivamente. `n1` toma el valor 5, `n2` toma el valor 2 y el procedimiento le asigna los valores 7 a `n3` y 1 a `n4`. Al finalizar, este procedimiento habrá dejado sin cambios a las variables `a` y `b`, mientras que le habrá asignado los valores 7 a `c` y 1 a `d`. Como resultado, el algoritmo escribe “5 2 7 1”.

---

#### SUBALGORITMOS

---

```
PROCEDIMIENTO proced1(n1: numérico, n2: numérico, n3: numérico, n4: numérico)
  n3 <- n1 + n2
  n4 <- n2 - 1
FIN PROCEDIMIENTO
```

---

#### ALGORITMO PRINCIPAL

---

ALGORITMO: Primer ejemplo de procedimiento  
COMENZAR

```
VARIABLE numérica a, b, c, d
a <- 5
b <- 2
proced1(a, b, c, d)
ESCRIBIR a b c d
FIN
```

En el siguiente ejemplo, el procedimiento `proced2` modifica las variables que actúan como argumentos actuales. Al ser invocado, se establece una correspondencia entre los argumentos actuales `a` (con el valor 5) y `b` (con el valor 2), y los argumentos formales `n1` y `n2`, respectivamente. De esta forma, la primera acción del procedimiento le asigna el valor 7 a `n1` y 1 a `n2`. De esta manera, al finalizar `a` vale 7 y `b` vale 1 y el algoritmo escribe “7 1”.

---

#### SUBALGORITMOS

---

```
PROCEDIMIENTO proced2(n1: numérico, n2: numérico)
  n1 <- n1 + n2
  n2 <- n2 - 1
FIN PROCEDIMIENTO
```

---

#### ALGORITMO PRINCIPAL

---

<sup>13</sup>En la jerga de R, se habla de *funciones puras* o *no puras*. Las primeras no producen ningún efecto secundario en el ambiente global, las segundas sí. Hay muy pocas funciones no puras en R

ALGORITMO: Segundo ejemplo de procedimiento

COMENZAR

```
VARIABLE numérica a, b
a <- 5
b <- 2
proced2(a, b)
ESCRIBIR a b
FIN
```

Analicemos ahora el tipo de pasaje de argumentos en el contexto de un procedimiento:

---

#### SUBALGORITMOS

---

```
PROCEDIMIENTO miProc(x: numérico, y: numérico)
  x <- x * 2
  y <- x - y
FIN PROCEDIMIENTO
```

---

#### ALGORITMO PRINCIPAL

---

ALGORITMO: Tercer ejemplo de procedimiento

COMENZAR

```
VARIABLE numérica a, b
a <- 8
b <- 4
miProc(a, b)
ESCRIBIR a b
FIN
```

Si el pasaje es por referencia, los pasos que sigue el algoritmo serían:

1. En el algoritmo se asignan los valores: a = 8, b = 4.
2. Al invocar la función: x = 8, y = 4.
3. Primera línea de la función: x = 8 \* 2 = 16. Lo mismo sucede con el parámetro actual a: a = 16.
4. Segunda línea de la función: y = 16 - 4 = 12. Lo mismo sucede con el parámetro actual b: b = 12.
5. Al regresar al algoritmo principal, la sentencia ESCRIBIR produce: 16 12.

Si el pasaje hubiese sido por valor, a y b no hubiesen cambiado y la sentencia ESCRIBIR mostraría 8, 4. Como en un procedimiento los resultados regresan en los mismos parámetros, no pueden ser todos pasados por valor, porque en ese caso el procedimiento nunca realizaría ninguna acción.

Si el parámetro x se pasa por valor mientras que y se pasa por referencia, los pasos serían:

1. a = 8, b = 4.
2. Al invocar la función: x = 8, y = 4.
3. Primera línea de la función: x = 8 \* 2 = 16.
4. Segunda línea de la función: y = 16 - 4 = 12. Lo mismo sucede con el parámetro actual b: b = 12.
5. Al regresar al algoritmo principal, la sentencia ESCRIBIR produce: 8 12.

Dado que en R el pasaje de argumentos es **siempre** por valor y no por referencia, no existen los procedimientos. Por esta razón, esta sección no se exemplifica con código de R.



## Unidad 5

# Estructuras de Datos

Hasta ahora todos los algoritmos que hemos desarrollado hacen uso de objetos que guardan datos individuales, los cuales representaban un número, una cadena de texto o un valor lógico. Sin embargo, la verdadera utilidad de la computación radica en poder trabajar con conjuntos de datos, organizados de acuerdo a ciertas reglas que permitan su manipulación y acceso. Definimos entonces como **estructura de datos** a un conjunto de datos que cuentan con un sistema de organización.

Veremos dos tipos de estructuras de datos: los **arreglos** y las **listas**.

### 5.1. Arreglos

Un **arreglo** (o *array*) se define como una colección de valores individuales con dos características fundamentales:

- *Ordenamiento*: los valores individuales pueden ser enumerados en orden, es decir, debe ser posible identificar en qué posición del arreglo se encuentra cada valor.
- *Homogeneidad*: los valores individuales almacenados en un arreglo son todos del mismo tipo (numérico, carácter, lógico).

Los arreglos son muy útiles para almacenar información en la memoria de la computadora, organizando valores que estén relacionados entre sí de alguna manera, por ejemplo, una conjunto de precios, los meses del año, el listado de calificaciones de estudiantes en distintos parciales, etc.

Los componentes individuales del conjunto se llaman **elementos**. Para indicar qué posición ocupa cada elemento en el arreglo se emplean uno o más **índices**. Dependiendo de cuántos índices se deban utilizar para acceder a cada elemento dentro de los arreglos, estos se clasifican en **unidimensionales** (*vectores*), **bidimensionales** (*matrices*) o multidimensionales.

#### 5.1.1. Arreglos unidimensionales o vectores

Un **arreglo unidimensional** o **vector** tiene  $n$  elementos todos del mismo tipo. Por ejemplo, el siguiente es un vector de tipo numérico llamado **x** con 5 elementos:

x	-4.5	12	2.71	-6	25
---	------	----	------	----	----

Figura 5.1: Ejemplo de un vector numérico

Cada uno de los elementos ocupa una posición determinada en el vector. Por ejemplo, el elemento 3 del vector **x** es el número 2.71. Se puede *acceder* o hacer referencia a cada elemento mediante el uso de *índices*, expresados entre corchetes al lado del nombre del vector. De esta forma, si escribimos **x[3]** hacemos referencia a la tercera posición del vector, que actualmente guarda al valor 2.71. Como podemos ver, sólo hace falta un índice para hacer referencia a cada elemento de un vector.

Los siguientes son ejemplos de vectores de tipo carácter y lógico, con distintas cantidades de elementos:

Al igual que todas las variables que empleamos en nuestros algoritmos, los vectores que serán utilizados deben ser

x	-4.5	12	2.71	-6	25
	x[1]	x[2]	x[3]	x[4]	x[5]

Figura 5.2: Ejemplo de un vector numérico: índices para señalar cada posición.

y	"ARG"	"correo@gmail.com"	"Ok"	"chau"
	y[1]	y[2]	y[3]	y[4]

z	VERDADERO	VERDADERO	FALSO
	z[1]	z[2]	z[3]

Figura 5.3: Ejemplo de un vector carácter y un vector lógico

declarados en el pseudocódigo, eligiendo un *identificador* (nombre) e indicando su tipo y su tamaño, es decir, la cantidad de posiciones que contienen. Esto último se señala entre paréntesis al lado del nombre elegido. Por ejemplo, el vector x visto anteriormente puede ser creado de la siguiente forma:

```
VARIABLE numérica x(5)
x[1] <- -4.5
x[2] <- 12
x[3] <- 2.71
x[4] <- -6
x[5] <- 25
```

Si bien la declaración de un vector sólo tiene como objetivo permitirle a la computadora que reserve internamente el espacio necesario en memoria para el mismo, para escribir pseudocódigo de una manera sencilla estableceremos la siguiente **convención**. Cuando declaramos un vector de tipo numérico con la expresión VARIABLE numérica x(5) asumiremos que, además de reservar espacio en memoria para el vector, se le asigna un 0 (cero) en cada posición. Es decir, el vector x es iniciado con ceros, que más tarde pueden ser reemplazados por otros valores. Del mismo modo, asumiremos que cuando declaramos vectores de tipo carácter, todos sus elementos son iniciados con valores (una cadena de texto vacía) y cuando declaramos vectores de tipo lógico, con el valor FALSO.

En R, los vectores se construyen de forma dinámica por lo cual no es necesario declararlos antes de comenzar a utilizarlos. La función **c()** (de *combinar*) permite crear vectores, por ejemplo, los mencionados anteriormente:

```
x <- c(-4.5, 12, 2.71, -6, 25)
y <- c("ARG", "correo@gmail.com", "Ok", "chau")
z <- c(TRUE, TRUE, FALSE)
```

Cuando ejecutamos dichas líneas, se crean en el ambiente global los objetos x, y y z, como podemos notar en la pestaña Environment de RStudio. Es decir, los vectores, así como cualquier otro tipo de arreglo, son **objetos** que constituyen entidades en sí mismas y que pueden ser manipulados al hacer referencia a sus indicadores. Además, RStudio nos muestra en la pestaña mencionada qué tipo de vector es cada uno (**num**, **chr**, **logi**), cuántos elementos tiene ([1:5], [1:4], [1:3]) y una previsualización de sus primeros elementos.

Dado que la función **c()** resulta, en consecuencia, muy importante al programar en R, es recomendable que evitemos usar la letra **c** como nombre para otros objetos<sup>1</sup>.

Podemos emplear estructuras iterativas para recorrer todas las posiciones de un vector y realizar operaciones con ellas, por ejemplo:

```
PARA i DESDE 1 HASTA 5 HACER
  ESCRIBIR "La posición " i "de x está ocupada por el valor " x[i]
FIN PARA
```

<sup>1</sup>Aunque a veces me olvido de esta recomendación y por eso en algunos ejemplos de la asignatura hay variables llamadas c

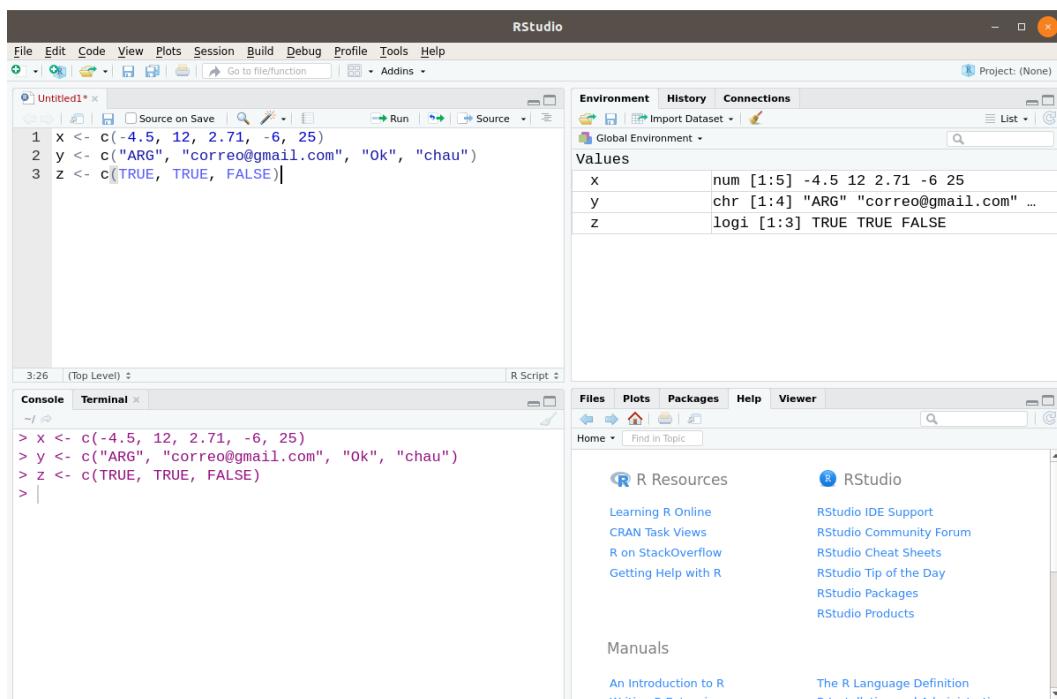


Figura 5.4: Creación de vectores en R

```

for (i in 1:5) {
  cat("La posición ", i, "de x está ocupada por el valor", x[i], "\n")
}

```

La posición 1 de x está ocupada por el valor -4.5  
 La posición 2 de x está ocupada por el valor 12  
 La posición 3 de x está ocupada por el valor 2.71  
 La posición 4 de x está ocupada por el valor -6  
 La posición 5 de x está ocupada por el valor 25

Todos los lenguajes de programación incluyen, además, alguna función para determinar cuántos elementos tiene un vector que ya fue creado. Para esto emplearemos la expresión LARGO() en el pseudocódigo y la función `length` de R:

```

ESCRIBIR "El vector x tiene " LARGO(x) " elementos."
ESCRIBIR "El vector y tiene " LARGO(y) " elementos."
ESCRIBIR "El vector z tiene " LARGO(z) " elementos.

cat("El vector x tiene", length(x), "elementos.")

```

El vector x tiene 5 elementos.

```
cat("El vector y tiene", length(y), "elementos.")
```

El vector y tiene 4 elementos.

```
cat("El vector z tiene", length(z), "elementos.")
```

El vector z tiene 3 elementos.

Entonces, para recorrer todos los elementos del vector podemos hacer también:

```

PARA i DESDE 1 HASTA LARGO(x) HACER
  ESCRIBIR "La posición " i "de x está ocupada por el valor " x[i]

```

FIN PARA

O bien:

```
tam <- LARGO(x)
PARA i DESDE 1 HASTA tam HACER
    ESCRIBIR "La posición " i "de x está ocupada por el valor " x[i]
FIN PARA
```

Antes comentamos que en R los vectores se crean con expresiones como `x <- c(-4.5, 12, 2.71, -6, 25)`, donde sus elementos están listados de forma literal. También podemos crear vectores de un largo determinado dejando que cada posición quede ocupada por un valor por default. Por ejemplo, el siguiente código crea un vector tipo numérico con 10 posiciones, uno carácter con 7 y otro lógico con 2. En cada caso, R rellena por defecto todas las posiciones con el mismo valor: un 0 para todas las posiciones del vector numérico, un carácter vacío para las del vector carácter y el valor FALSE para el vector lógico:

```
a <- numeric(10)
b <- character(7)
d <- logical(2)

a
[1] 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0

b
[1] "" "" "" "" "" ""

d
[1] FALSE FALSE
```

Se pueden asignar valores a una, varias o todas las posiciones de un vector en cualquier parte del algoritmo. Además, en pseudocódigo emplearemos la palabra clave MOSTRAR cuando deseamos que se escriba en pantalla todo el contenido de un vector. Por ejemplo:

```
VARIABLE numérica a(10)
...algunas acciones...
PARA i DESDE 1 HASTA LARGO(a) HACER
    SI i %% 3 == 0 ENTONCES
        a[i] <- i * 100
    FIN SI
FIN PARA
MOSTRAR a
```

```
a <- numeric(10)
for (i in 1:length(a)) {
  if (i %% 3 == 0) {
    a[i] <- i * 100
  }
}
a      # También: cat(a) o print(a)

[1] 0 0 300 0 0 600 0 0 900 0
```

En los ejemplos anteriores, declaramos los vectores explicitando su tamaño con un número: VARIABLE numérica `x(5)` o VARIABLE numérica `a(10)`. Sin embargo, el tamaño del vector podría estar guardado en otra variable, cuyo valor se determina en cada ejecución del programa mediante información externa o como resultado de algún cálculo anterior. En el siguiente ejemplo se deja que el usuario determine la dimensión del vector y que provea cada uno de los valores para el mismo. Antes de poder declarar la existencia del nuevo vector llamado `mi_vector`, se “lee” su tamaño:

```
VARIABLE numérica tam
LEER tam
VARIABLE numérica mi_vector(tam)
PARA i DESDE 1 HASTA tam HACER
    LEER mi_vector[i]
FIN PARA
```

Por ahora, toda instrucción de *leer* en el pseudocódigo será traducida en R mediante la asignación directa de valores. Por ejemplo, **LEER tam** se reemplaza por **tam <- 5** (o el número que necesitemos).

Antes de terminar esta sección haremos una última observación. En R todos los objetos que hemos considerado como “variable” y que guardan un único valor (como **tam** en el ejemplo anterior), son también considerados como vectores, cuyo largo es 1, como podemos verificar en el siguiente ejemplo:

```
x <- 25
length(x)

[1] 1

is.vector(x) # Esta función lógica le pregunta a R si el objeto x es un vector

[1] TRUE
```

#### Ejemplo: invertir los elementos de un vector

Nos planteamos el problema de dar vuelta los elementos pertenecientes a un vector, de manera que el primer elemento pase a ser el último, el segundo pase al penúltimo lugar, etcétera. Por ejemplo, dado el vector de tipo carácter v:

V	“Estadística”	“en”	“Licenciatura”	“la”	“Aguante”
---	---------------	------	----------------	------	-----------

Figura 5.5: Vector v original

queremos modificarlo para obtener:

V	“Aguante”	“la”	“Licenciatura”	“en”	“Estadística”
---	-----------	------	----------------	------	---------------

Figura 5.6: Vector v reordenado

Si bien podemos pensar en distintas formas para resolver este problema, probablemente la más sencilla requiere que intercambiemos de a dos los valores en ciertas posiciones del vector, por ejemplo, empezando por intercambiar el primero con el último. Para esto podemos emplear una variable auxiliar que guarde el valor de alguna de las celdas temporalmente (por eso lo vamos a llamar **tmp**):

Ahora sólo resta realizar el mismo procedimiento para los valores de las posiciones 2 y 4. Como el número de elementos en el vector es impar, el valor en la posición central queda en su lugar. Podemos definir el siguiente algoritmo para resolver este problema de manera general. En el siguiente pseudocódigo, primero declaramos una variable numérica **n** que puede tomar cualquier valor y que servirá para declarar cuántos espacios necesita el vector. Luego, se itera para leer cada elemento del vector. Finalmente, se implementa la estrategia de reordenamiento:

ALGORITMO: “Invertir (dar vuelta) los elementos de un vector”  
COMENZAR

```
# Declarar variables
VARIABLE numérica n
VARIABLE carácter tmp
LEER n
VARIABLE carácter v(n)
```

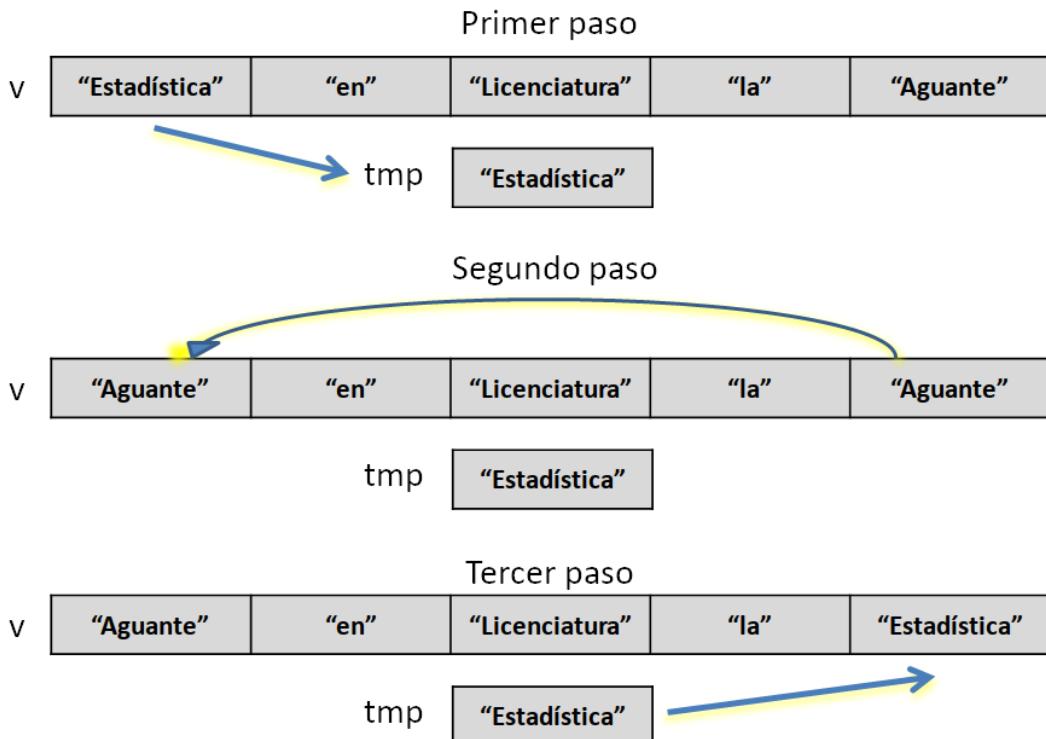


Figura 5.7: Pasos para intercambiar valores

```

# Asignar valores al vector
PARA i DESDE 1 HASTA n HACER
    LEER v[i]
FIN PARA

# Reordenar
PARA i DESDE 1 HASTA ENTERO(n / 2) HACER
    tmp <- v[i]                      # Paso 1
    v[i] <- v[n - i + 1]              # Paso 2
    v[n - i + 1] <- tmp              # Paso 3
FIN PARA

# Mostrar el vector reordenado
MOSTRAR v

FIN

```

En el ejemplo anterior hemos incorporado el uso de comentarios en el pseudocódigo para describir el objetivo de cada parte. Imitando lo que hacemos en R, señalamos la presencia de comentarios con el carácter # (podríamos usar otra cosa, pero adheriremos a esta convención). Se usó la expresión ENTERO() para hacer referencia a la parte entera del número indicado entre paréntesis, lo cual se puede indicar en R con la función floor(). Además, en R reemplazamos todas las instrucciones LEER por una asignación directa de valores:

```

v <- c("Estadística", "en", "Licenciatura", "la", "Aguante")
n <- length(v)
for (i in 1:floor(n / 2)) {
  tmp <- v[i]
  v[i] <- v[n - i + 1]
  v[n - i + 1] <- tmp
}

```

v

```
[1] "Aguante"      "la"           "Licenciatura" "en"          "Estadística"
```

### 5.1.2. Arreglos bidimensionales o matrices

Un **arreglo bidimensional** representa lo que habitualmente conocemos en matemática como **matriz** y por eso también lo llamamos de esa forma. Podemos *imaginar* que en una matriz los elementos están organizados en *filas* y *columnas* formando una tabla. Por ejemplo, la siguiente es una matriz llamada **x**:

	<b>8</b>	<b>13</b>	<b>18</b>	<b>23</b>
<b>x</b>	<b>11</b>	<b>16</b>	<b>21</b>	<b>26</b>
	<b>14</b>	<b>19</b>	<b>24</b>	<b>29</b>

Figura 5.8: Ejemplo de una matriz numérica

A diferencia de los vectores, las matrices requieren dos índices para señalar la posición de cada elemento, el primero para indicar la fila y el segundo para indicar la columna. Los mismos se colocan entre corchetes, separados por una coma, al lado del identificador de la matriz. De esta forma, si hablamos de **x[1, 3]** hacemos referencia a la posición ocupada por el valor 18, mientras que si mencionamos **x[3, 1]** nos referimos al valor 14.

	<b>8</b> x[1, 1]	<b>13</b> x[1, 2]	<b>18</b> x[1, 3]	<b>23</b> x[1, 4]
<b>x</b>	<b>11</b> x[2, 1]	<b>16</b> x[2, 2]	<b>21</b> x[2, 3]	<b>26</b> x[2, 4]
	<b>14</b> x[3, 1]	<b>19</b> x[3, 2]	<b>24</b> x[3, 3]	<b>29</b> x[3, 4]

Columna 1      Columna 2      Columna 3      Columna 4

Figura 5.9: Ejemplo de una matriz numérica: índices para señalar cada posición

Al *tamaño* de una matriz, es decir, cuántas filas y columnas tiene, se le dice **dimensión**. La matriz anterior es de dimensión  $3 \times 4$ .

Como hicimos con los vectores, debemos declarar las matrices que vamos a usar en el pseudocódigo, indicando su identificador, tipo y dimensión: **VARIABLE numérica x(3, 4)**. También vamos a asumir que todas las posiciones de una matriz son iniciadas con el valor 0, o **FALSO** si la misma es numérica, carácter o lógica, respectivamente. La matriz **x** puede ser generada en pseudocódigo de esta forma:

```
VARIABLE numérica x(3, 4)
x[1, 1] <- 8
x[1, 2] <- 13
x[1, 3] <- 18
x[1, 4] <- 23
x[2, 1] <- 11
x[2, 2] <- 16
x[2, 3] <- 21
x[2, 4] <- 26
x[3, 1] <- 14
x[3, 2] <- 19
```

```
x[3, 3] <- 24
x[3, 4] <- 29
```

En R, no es necesario declarar las matrices con anterioridad y las mismas pueden ser creadas de manera literal con la función `matrix()`. Su primer argumento, `data`, es un vector con todos los elementos que queremos guardar en la matriz. Luego, se indica la cantidad de filas para la misma con `nrow` y la cantidad de columnas con `ncol`:

```
x <- matrix(data = c(8, 11, 14, 13, 16, 19, 18, 21, 24, 23, 26, 29),
             nrow = 3, ncol = 4)
x

[,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    8   13   18   23
[2,]   11   16   21   26
[3,]   14   19   24   29
```

Notar que R ubicó a los valores provistos llenando primero la columna 1, luego la 2, etc. Ese comportamiento puede ser modificado con el argumento `byrow`, que por default es `FALSE`. Si lo cambiamos a `TRUE` los elementos son ubicados por fila. Además, podemos usar saltos de líneas (`enter`) para visualizar las diferentes filas de la matriz. Esto no tiene ningún impacto en R, sólo sirve para que el código sea más fácil de leer. Dado que hemos provisto 12 valores e indicamos que queremos 3 filas, el argumento `ncol` no es necesario (es obvio que quedarán 4 columnas). Por eso, las siguientes sentencias son equivalentes a la anterior:

```
x <- matrix(c( 8, 13, 18, 23,
              11, 16, 21, 26,
              14, 19, 24, 29),
              nrow = 3, byrow = TRUE)

x <- matrix(c( 8, 13, 18, 23,
              11, 16, 21, 26,
              14, 19, 24, 29),
              ncol = 4, byrow = TRUE)
```

Si colocamos un único valor como primer argumento en la función `matrix()`, el mismo se repetirá en todas las posiciones. En este caso sí o sí tenemos que indicar cuántas filas y columnas deseamos:

```
y <- matrix(0, nrow = 2, ncol = 5)
y
```

```
[,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    0    0    0    0    0
[2,]    0    0    0    0    0
```

Una vez que la matriz ya existe, en el pseudocódigo haremos referencia al número de filas y columnas de la misma con las expresiones `NFILA(x)` y `NCOL(x)`. En R tenemos las siguientes funciones para analizar el tamaño de las matrices:

```
dim(x)
```

```
[1] 3 4
```

```
nrow(x)
```

```
[1] 3
```

```
ncol(x)
```

```
[1] 4
```

```
dim(y)
```

```
[1] 2 5
```

```
nrow(y)
```

```
[1] 2
```

```
ncol(y)
```

```
[1] 5
```

Podemos recorrer todas las posiciones de una matriz con una estructura iterativa doble: nos situamos en la primera fila y recorremos cada columna, luego en la segunda fila y recorremos todas las columnas y así sucesivamente:

```

PARA i DESDE 1 HASTA 3 HACER
    PARA j DESDE 1 HASTA 4 HACER
        ...hacer algo con el elemento x[i, j]...
    FIN PARA
FIN PARA

```

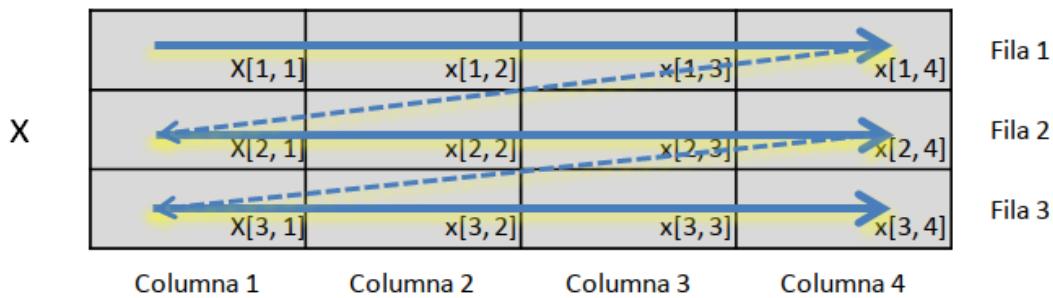


Figura 5.10: Recorrer una matriz por fila

También se puede recorrer la matriz por columna, si modificamos ligeramente las estructuras iterativas:

```

PARA j DESDE 1 HASTA 4 HACER
    PARA i DESDE 1 HASTA 3 HACER
        ...hacer algo con el elemento x[i, j]...
    FIN PARA
FIN PARA

```

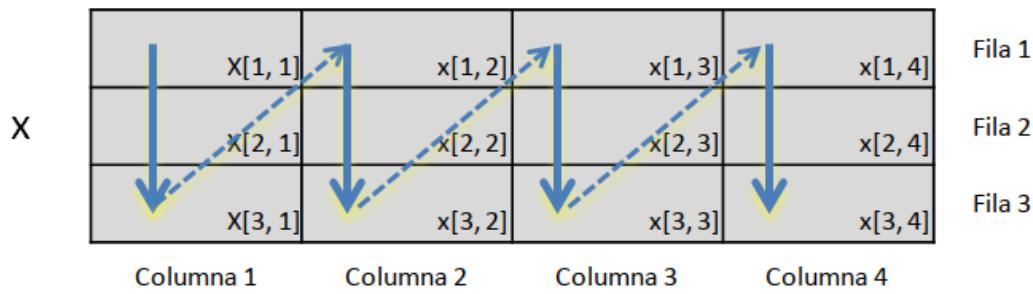


Figura 5.11: Recorrer una matriz por columna

Se puede usar cualquier letra o palabra como variables iteradoras, pero el uso de **i** para las filas y de **j** para las columnas es bastante común.

También podemos asignar valores en cada celda mientras recorremos la matriz. De hecho, la matriz **x** del ejemplo puede ser generada así, donde los índices **i** y **j** no sólo señalan una posición en particular dentro de la matriz, sino que además se usan para hacer el cálculo del valor a asignar:

```
VARIABLE numérica x(3, 4)
PARA i DESDE 1 HASTA NFILA(x) HACER
    PARA j DESDE 1 HASTA NCOL(x) HACER
        x[i, j] <- 3 * i + 5 * j
    FIN PARA
FIN PARA
MOSTRAR x
```

```
x <- matrix(0, nrow = 3, ncol = 4)
for (i in 1:nrow(x)) {
  for (j in 1:ncol(x)) {
    x[i, j] <- 3 * i + 5 * j
  }
}
x
```

```
[,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 8 13 18 23
[2,] 11 16 21 26
[3,] 14 19 24 29
```

Si queremos dejar que el valor en cada posición sea determinado por una fuente de información externa a la hora de correr el programa, empleamos la sentencia LEER en el pseudocódigo:

```
VARIABLE numérica x(3, 4)
PARA i DESDE 1 HASTA NFILA(x) HACER
    PARA j DESDE 1 HASTA NCOL(x) HACER
        LEER x[i, j]
    FIN PARA
FIN PARA
```

### 5.1.2.1. Ejemplo: trasponer una matriz

En Álgebra, trasponer una matriz de dimensión  $m \times n$  significa generar una nueva matriz de dimensión  $n \times m$ , donde los elementos se intercambian de este modo:

Podemos formalizar el algoritmo que permite generar la matriz traspuesta, teniendo en cuenta que cada elemento que originalmente ocupa la posición  $[i, j]$  en la matriz original, debe pasar a ocupar la posición  $[j, i]$  en la matriz traspuesta:

```
ALGORITMO: Trasponer matriz
COMENZAR
```

```
# Declarar objetos
VARIABLE numérica nf, nc
LEER nf, nc
VARIABLE numérica x(nf, nc), traspuesta(nc, nf)

# Leer los valores de la matriz
PARA i DESDE 1 HASTA nf HACER
    PARA j DESDE 1 HASTA nc HACER
        LEER x[i, j]
    FIN PARA
FIN PARA

# Trasponer
PARA i DESDE 1 HASTA nf HACER
    PARA j DESDE 1 HASTA nc HACER
        traspuesta[j, i] <- x[i, j]
    FIN PARA
FIN PARA
```

Matriz x	8	13	18	23
	11	16	21	26
	14	19	24	29

Matriz traspuesta de x	8	11	14
	13	16	19
	18	21	24
	23	26	29

Figura 5.12: Matriz traspuesta

FIN PARA

```
# Mostrar ambas matrices
ESCRIBIR "Matriz original"
MOSTRAR x
ESCRIBIR "Matriz traspuesta"
MOSTRAR traspuesta
```

FIN

Dado que en R vamos a asignar valores en la matriz de manera literal, primero la creamos y luego usamos `nrow()` y `ncol()` para obtener los correspondientes valores de `nf` y `nc`. En el siguiente ejemplo, además, todas las posiciones de la matriz traspuesta son iniciadas con el valor `NA` (valor lógico que significa *Not Available* o “no disponible”).

```
x <- matrix(c( 8, 13, 18, 23,
              11, 16, 21, 26,
              14, 19, 24, 29),
              nrow = 3, byrow = TRUE)
nf <- nrow(x)
nc <- ncol(x)
traspuesta <- matrix(NA, nc, nf)
for (i in 1:nf) {
  for (j in 1:nc) {
    traspuesta[j, i] <- x[i, j]
  }
}
cat("Matriz original\n")
x
cat("Matriz traspuesta\n")
traspuesta
```

Matriz original

```
[,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    8    13    18    23
[2,]   11    16    21    26
[3,]   14    19    24    29
Matriz traspuesta
[,1] [,2] [,3]
[1,]    8    11    14
[2,]   13    16    19
[3,]   18    21    24
[4,]   23    26    29
```

### 5.1.3. Arreglos multidimensionales

Un **arreglo multidimensional** contiene más de dos dimensiones, es decir, requiere más de dos índices para identificar a cada uno de sus elementos. La representación matemática o visual ya no es tan sencilla. Para interpretarlos o saber cuándo usarlos, pensamos que cada una de las dimensiones representa una característica de los elementos. Por ejemplo, imaginemos que en un local comercial se quiere registrar cuántos clientes se atendieron en cada una de las tres cajas disponibles (primer dimensión del arreglo: caja 1, caja 2 o caja 3), ya sea en el turno mañana o tarde (segunda dimensión: 1 para la mañana o 2 para la tarde) en cada día hábil de una semana (tercera dimensión: 1 lunes, 2 martes, 3 miércoles, 4 jueves o 5 viernes). Si queremos registrar, por ejemplo, que la caja 1 en el turno tarde del día jueves atendió 12 clientes, tenemos que guardar el valor 12 en la posición [1, 2, 4] del arreglo.

Para situaciones como la anterior, resulta más útil guardar los valores en otros tipos de estructuras especializadas en conjuntos de datos, como veremos más adelante. Por esta razón, en esta asignatura no profundizaremos en el estudio de arreglos multidimensionales y nos bastaremos con vectores y matrices. Sin embargo, debemos saber de su existencia porque son estructuras útiles para ciertas tareas de programación.

Por lo tanto, lo siguiente es de **lectura opcional**. El arreglo de 3 dimensiones que permite acomodar toda la información del ejemplo en una sola estructura puede definirse en pseudocódigo así:

```
VARIABLE numérica clientes(3, 2, 5)
```

Y en R:

```
clientes <- array(0, dim = c(3, 2, 5))
clientes
```

```
, , 1
```

```
[,1] [,2]
[1,]    0    0
[2,]    0    0
[3,]    0    0
```

```
, , 2
```

```
[,1] [,2]
[1,]    0    0
[2,]    0    0
[3,]    0    0
```

```
, , 3
```

```
[,1] [,2]
[1,]    0    0
[2,]    0    0
[3,]    0    0
```

```
, , 4
```

```
[,1] [,2]
[1,] 0 0
[2,] 0 0
[3,] 0 0
```

, , 5

```
[,1] [,2]
[1,] 0 0
[2,] 0 0
[3,] 0 0
```

Luego, si queremos registrar que la caja 1 en el turno tarde del día jueves atendió 12 clientes, hacemos, tanto en R como en pseudocódigo:

```
clientes[1, 2, 4] <- 12
```

```
clientes
```

, , 1

```
[,1] [,2]
[1,] 0 0
[2,] 0 0
[3,] 0 0
```

, , 2

```
[,1] [,2]
[1,] 0 0
[2,] 0 0
[3,] 0 0
```

, , 3

```
[,1] [,2]
[1,] 0 0
[2,] 0 0
[3,] 0 0
```

, , 4

```
[,1] [,2]
[1,] 0 12
[2,] 0 0
[3,] 0 0
```

, , 5

```
[,1] [,2]
[1,] 0 0
[2,] 0 0
[3,] 0 0
```

En R, podemos ponerle un nombre a cada una de las dimensiones del arreglo (“caja”, “turno”, “dia”), para poder identificar mejor a qué aspecto hace referencia y, a su vez, un nombre a cada una de sus modalidades (por ejemplo, “caja 1”, “caja 2” o “caja 3”). Esto se logra de la siguiente forma:

```

dimnames(clientes) <- list(caja = c("caja 1", "caja 2", "caja 3"),
                           turno = c("mañana", "tarde"),
                           dia = c("lun", "mar", "mie", "jue", "vie"))
clientes
, , dia = lun

      turno
caja   mañana tarde
caja 1     0     0
caja 2     0     0
caja 3     0     0

, , dia = mar

      turno
caja   mañana tarde
caja 1     0     0
caja 2     0     0
caja 3     0     0

, , dia = mie

      turno
caja   mañana tarde
caja 1     0     0
caja 2     0     0
caja 3     0     0

, , dia = jue

      turno
caja   mañana tarde
caja 1     0    12
caja 2     0     0
caja 3     0     0

, , dia = vie

      turno
caja   mañana tarde
caja 1     0     0
caja 2     0     0
caja 3     0     0

```

En lo anterior hemos utilizado una **lista**, que se trata de otro tipo de estructura de datos definida a continuación.

## 5.2. Listas

Una de las principales características de los **arreglos** es la **homogeneidad**: todos los elementos que contienen deben ser del mismo tipo. No se puede, por ejemplo, mezclar en una matriz valores numéricos y lógicos. Sin embargo, en muchos problemas resulta útil contar con alguna estructura de datos que permita agrupar objetos de diversos tipos. Esas es, justamente, la definición de una **lista**. Podemos imaginarla como una bolsa en la cual podemos meter todo tipo de objetos, incluyendo vectores, matrices y, por qué no, otras bolsas (es decir, bolsas dentro de una bolsa o listas dentro de una lista). Todos los lenguajes de programación proveen algún tipo de estructura con estas características, aunque no todos las llaman igual. Otros posibles nombres con los que se conocen pueden ser *tupla*

o *agregado*. En R se llaman **listas** o **vectores recursivos**. El siguiente diagrama presenta una lista (recuadro con puntas redondeadas) que contiene:

1. Un vector numérico de largo 3.
2. Un vector carácter de largo 2.
3. Una matriz numérica de dimensión 2x2.
4. Un valor lógico.



Figura 5.13: Ejemplo de una lista

En R la creación de esta lista se realiza mediante la función `list()`, cuyos argumentos son los elementos que queremos guardar en la lista, separados por comas:

```

mi_lista <- list(
  c(-4.5, 12, 2.71),
  c("hola", "chau"),
  matrix(c(8, 11, 13, 16), nrow = 2),
  TRUE
)
mi_lista
  
```

```

[[1]]
[1] -4.50 12.00 2.71
  
```

```

[[2]]
[1] "hola" "chau"
  
```

```

[[3]]
 [,1] [,2]
[1,]    8    13
[2,]   11    16
  
```

```

[[4]]
[1] TRUE
  
```

Luego de correr la sentencia anterior, podemos ver que `mi_lista` es un nuevo objeto disponible en el ambiente global y como tal está listado en el panel *Environment*. Allí se nos indica que se trata de una lista y, además, podemos previsualizar su contenido al hacer clic en el círculo celeste que antecede a su nombre:

```

Environment History Connections Build Git Tutorial
Import Dataset | 159 MiB | 
R | Global Environment |
Data
mi_lista      List of 4
$ : num [1:3] -4.5 12 2.71
$ : chr [1:2] "hola" "chau"
$ : num [1:2, 1:2] 8 11 13 16
$ : logi TRUE

```

Figura 5.14: La lista en la pestaña Environment de RStudio

Usamos dobles corchetes `[[ ]]` para referenciar a cada objeto que forma parte de la lista. Además, si queremos indicar un elemento dentro de un objeto que forma parte de la lista, agregamos otro conjunto de corchetes como hacemos con vectores y matrices. Por ejemplo:

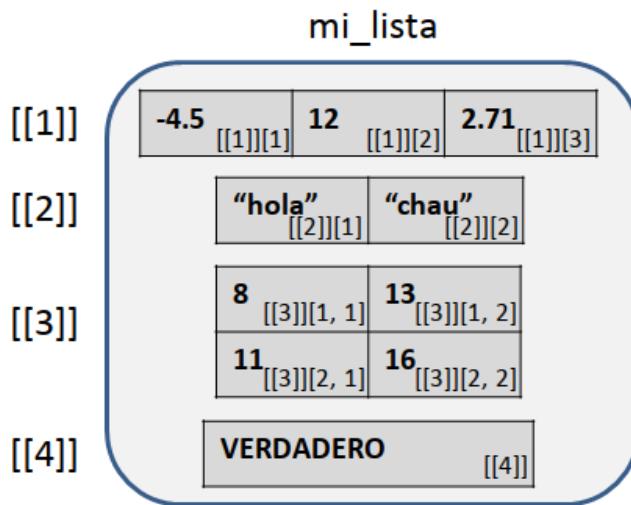


Figura 5.15: Ejemplo de una lista

```

mi_lista[[1]]
[1] -4.50 12.00 2.71
mi_lista[[1]][3]
[1] 2.71
mi_lista[[2]]
[1] "hola" "chau"
mi_lista[[2]][2]
[1] "chau"
mi_lista[[3]]
[,1] [,2]
[1,]    8   13
[2,]   11   16

```

```
mi_lista[[3]][2, 1]
```

```
[1] 11
```

```
mi_lista[[4]]
```

```
[1] TRUE
```

```
mi_lista[[4]][1]
```

```
[1] TRUE
```

Podemos asignar valor a algún elemento usando los índices de esa misma forma:

```
mi_lista[[1]][3] <- 0
```

```
mi_lista
```

```
[[1]]
```

```
[1] -4.5 12.0 0.0
```

```
[[2]]
```

```
[1] "hola" "chau"
```

```
[[3]]
```

```
, , 1 [, 2]
```

```
[1,] 8 13
```

```
[2,] 11 16
```

```
[[4]]
```

```
[1] TRUE
```

A medida que las estructuras de datos se hacen más complejas, existen menos convenciones para su representación en pseudocódigo, siendo admisible cualquier expresión que logre comunicar sin ambigüedad las acciones que se deben realizar, incluso la descripción en palabras. La creación de la lista anterior podría ser expresada como:

```
VARIABLE numérica w(3), y(2, 2)
VARIABLE carácter x(2)
VARIABLE lógica z
VARIABLE LISTA mi_lista
mi_lista <- LISTA(x, w, y, z)
```

Para asignar valores, podemos usar en pseudocódigo el mismo tipo de notación que en R:

```
mi_lista[[1]][1] <- -4.5
mi_lista[[1]][2] <- 12
mi_lista[[1]][3] <- 2.71
mi_lista[[2]][1] <- "hola"
...
mi_lista[[4]] <- VERDADERO
```

### Ejemplo: función que devuelve una lista

En el capítulo anterior, dijimos que las funciones son subalgoritmos que podían devolver exactamente un objeto como resultado. Esto puede ser una limitación, ya que en algunos casos tal vez necesitemos devolver varios elementos de distinto tipo<sup>2</sup>. La solución consiste en devolver una lista que englobe a todos los objetos que nos interese que la función le entregue como resultado al algoritmo principal que la invocó. Como una lista es un único objeto, ¡la función puede devolverla sin ningún problema!

Para ejemplificar, recordemos el siguiente ejercicio de la práctica 3: escribir el algoritmo y el programa en R para la creación de la función `triangulos(a, b, c)` que a partir de la longitud de los tres lados de un triángulo `a`, `b` y

---

<sup>2</sup>Si fuesen elementos del mismo tipo, los podríamos devolver dentro de un vector, por ejemplo, las dos soluciones reales distintas de una ecuación cuadrática.

c (valores positivos) lo clasifica con los siguientes resultados posibles: no forman un triángulo (un lado mayor que la suma de los otros dos), triángulo equilátero, isósceles o escaleno. Vamos a modificar la función para que tenga el siguiente comportamiento: la función debe devolver el tipo de triángulo como cadena de texto y el valor numérico del perímetro del mismo (o un 0 si no es triángulo). Es decir, la función debe devolver tanto un objeto de tipo carácter y otro de tipo numérico. Para lograrlo los encerraremos en una lista:

Algoritmo:

```
#-----
# Función triangulos
# Clasifica un triángulo según la longitud de sus lados
# Entrada:
#   - a, b, c, números reales positivos
# Salida:
#   - una lista cuyo primer elemento es un carácter que indica el tipo de
#     triángulo y el segundo elemento es el perímetro del triángulo o el valor 0 si
#     no los lados provistos no corresponden a un triángulo
#-----
FUNCIÓN triangulos(a: numérico, b: numérico, c: numérico): lista
COMENZAR
  VARIABLE carácter tipo
  VARIABLE numérica perímetro
  SI a > b + c 0 b > a + c 0 c > a + b ENTONCES
    tipo <- "no es triángulo"
    perímetro <- 0
  SI NO
    perímetro <- a + b + c
    SI a == b Y a == c ENTONCES
      tipo <- "equilátero"
    SI NO
      SI a == b 0 a == c 0 b == c ENTONCES
        tipo <- "isósceles"
      SI NO
        tipo <- "escaleno"
      FIN SI
    FIN SI
  FIN SI
  DEVOLVER LISTA(tipo, perímetro)
FIN FUNCIÓN
```

Código en R:

```
#-----
# Función triangulos
# Clasifica un triángulo según la longitud de sus lados
# Entrada:
#   - a, b, c, números reales positivos
# Salida:
#   - una lista cuyo primer elemento es un carácter que indica el tipo de
#     triángulo y el segundo elemento es el perímetro del triángulo o el valor 0 si
#     no los lados provistos no corresponden a un triángulo
#-----
triangulos <- function(a, b, c) {
  perímetro <- a + b + c
  if (a > b + c || b > a + c || c > a + b) {
    tipo <- "no es triángulo"
    perímetro <- 0
  } else if (a == b & a == c) {
    tipo <- "equilátero"
```

```

} else if (a == b || a == c || b == c) {
  tipo <- "isósceles"
} else {
  tipo <- "escaleno"
}
return(list(tipo, perimetro))
}

```

Ejemplos del uso de esta función:

```

# Guardamos el resultado devuelto (una lista) en el objeto resultado
resultado <- triangulos(2, 3, 4)
# Miramos el primer elemento de la lista (caracter que indica el tipo)
resultado[[1]]

```

```

[1] "escaleno"

# Miramos el primer elemento de la lista (perímetro)
resultado[[2]]

```

```

[1] 9

# Miramos todo junto
resultado

[[1]]
[1] "escaleno"

[[2]]
[1] 9

```

```

# Otro ejemplo:
resultado2 <- triangulos(2, 3, 10)
resultado2[[1]]

```

```

[1] "no es triángulo"

resultado2[[2]]

```

```
[1] 0
```

### 5.3. Elementos con nombre (lectura opcional)

La presente sección es de lectura opcional, lo cual significa que no será necesaria para la resolución de la práctica ni será tenida en cuenta en las evaluaciones.

Además de guardar información, los objetos de R pueden poseer ciertos **atributos**, que consisten en información adicional sobre el objeto. Uno de ellos es el atributo **names**, que permite que cada elemento dentro de un vector o una lista pueda tener su propio nombre, así como también que cada fila o columna de una matriz tenga su propio nombre, independientemente del nombre general del objeto.

#### 5.3.1. Vectores

A cada elemento de un vector se le puede, opcionalmente, asignar un nombre. Esto se realiza de alguna de estas formas:

- Opción 1: después de crear el vector

```

# El vector se llama "frutas" y tiene 4 elementos
frutas <- c(3, 7, 2, 1)
frutas

```

```
[1] 3 7 2 1
```

```
# Cada uno de estos elementos no tienen nombres
names(frutas)

NULL

# Le doy un nombre a cada elemento
names(frutas) <- c("manzanas", "naranjas", "bananas", "peras")
frutas

manzanas naranjas bananas peras
3           7          2          1
```

- Opción 2: en el momento de crear el vector

```
frutas <- c(manzanas = 3, naranjas = 7, bananas = 2, peras = 1)
frutas

manzanas naranjas bananas peras
3           7          2          1
```

Los nombres son útiles porque permiten indexar al vector, sin necesidad de usar como índice la posición del elemento:

```
frutas[2]
```

```
naranjas
7
```

```
frutas["naranjas"]
```

```
naranjas
7
```

No todos los elementos de un vector tienen que tener nombre:

```
frutas <- c(manzanas = 3, 7, bananas = 2, 1)
frutas

manzanas          bananas
3           7          2          1

names(frutas)

[1] "manzanas"    ""           "bananas"    ""
```

### 5.3.2. Matrices

En el caso de las matrices, se le puede asignar nombres a sus filas y columnas:

- Opción 1: después de crear la matriz

```
x <- matrix(c( 8, 13, 18, 23,
              11, 16, 21, 26,
              14, 19, 24, 29),
              nrow = 3, byrow = TRUE)
rownames(x) <- c("A", "B", "C")
colnames(x) <- c("col1", "grupo2", "grupo3", "grupo4")
x

col1 grupo2 grupo3 grupo4
A     8      13      18      23
B    11      16      21      26
C    14      19      24      29
```

- Opción 2: al crear la matriz

```
x <- matrix(c( 8, 13, 18, 23,
              11, 16, 21, 26,
              14, 19, 24, 29),
              nrow = 3, byrow = TRUE,
              dimnames = list(Categorias = c("A", "B", "C"),
                               Grupos = c("grupo1", "grupo2", "grupo3", "grupo4")))
x
```

```
Grupos
Categorias grupo1 grupo2 grupo3 grupo4
      A     8     13     18     23
      B    11     16     21     26
      C    14     19     24     29
```

En este último ejemplo, se han elegido arbitrariamente los nombres `Categorias` y `Grupos` para llamar al

Al igual que con los vectores, podemos usar los nombres de filas y columnas para indexar:

```
x["B", "grupo2"]
```

```
[1] 16
```

En el caso de los arreglos multidimensionales, ya se indicó en el ejemplo del local comercial el uso de nombres para las distintas dimensiones.

### 5.3.3. Listas

Podemos asignarle un nombre a uno, algunos o todos los integrantes en una lista:

```
mi_lista <- list(
  w = c(-4.5, 12, 2.71),
  x = c("hola", "chau"),
  y = matrix(c(8, 11, 13, 16), nrow = 2),
  z = TRUE
)
mi_lista
```

```
$w
[1] -4.50 12.00 2.71
```

```
$x
[1] "hola" "chau"
```

```
$y
[,1] [,2]
[1,]    8   13
[2,]   11   16
```

```
$z
[1] TRUE
```

Esto amplía las opciones para hacer referencia a cada objeto y elemento allí contenido. Las siguientes sentencias son todas equivalentes y sirven para acceder al tercer elemento de la lista, cuyo nombre es y:

```
mi_lista[[3]]
```

```
[,1] [,2]
[1,]    8   13
[2,]   11   16
```

```
mi_lista[["y"]]
```

```
[,1] [,2]  
[1,]    8   13  
[2,]   11   16
```

```
mi_lista$y
```

```
[,1] [,2]  
[1,]    8   13  
[2,]   11   16
```

## 5.4. Otras consideraciones (lectura opcional)

Dependiendo de cómo se almacenan los datos que componen a una estructura en el hardware de la computadora, las mismas se pueden clasificar en **contiguas** o **enlazadas**. En las estructuras contiguas, los datos se sitúan en áreas adyacentes de memoria y cada uno de ellos se puede localizar partiendo de la posición en memoria del primer elemento de la estructura. En las estructuras enlazadas, los datos no se sitúan necesariamente de forma continua en la memoria sino que existen *punteros* (otro tipo de dato que *apunta* hacia determinada posición de memoria) que permite identificar cuál es el orden de los elementos dentro de la estructura.

Por otro lado, las estructuras también se pueden clasificar en **dinámicas** o **estáticas**, según si su tamaño puede cambiar o no durante la ejecución de un programa, respectivamente. Cuando se emplea una estructura estática, se declara con anterioridad el tamaño que ocupará en memoria y su dimensión no podrá variar, aún cuando no se ocupen todas las posiciones reservadas. En contraposición, una estructura dinámica puede cambiar en tamaño.

Antes se mencionó que las listas de R pueden contener objetos de distintos tipos. Para ser más rigurosos, una lista es un tipo especial de vector que agrupa punteros hacia distintos objetos. Técnicamente, todos los elementos de una lista son del mismo tipo (punteros), pero hacen referencia a distintos objetos, dándonos la impresión de que en una lista de R, sencillamente, podemos meter cualquier tipo de objeto.

# Unidad 6

## Uso de archivos de datos

Como hemos visto, los programas usan variables para guardar información: datos de entrada, resultados calculados, valores intermedios, etc. Sin embargo, la información guardada en las variables es efímera. Cuando los programas paran de correr, el valor almacenado en las variables se pierde. En muchas ocasiones, es necesario guardar información de una forma más permanente.

En estos casos, el enfoque usual es recolectar la información en un todo lógicamente cohesivo y guardarla en un medio permanente que generalmente se graba en el disco rígido de la máquina, es decir, en un archivo. Un **archivo** o **fichero** es un conjunto de información sobre un mismo tema tratado como una unidad de almacenamiento y organizado de forma estructurada para la búsqueda de un dato individual. Los archivos pueden contener instrucciones de programas o información creada o usada por un programa. Todos los objetos de datos permanentes que guardamos en nuestra computadora (documentos, juegos, programas ejecutables, código, etc.) son guardados en la forma de archivos.

Un archivo se identifica con un **nombre**, seguido por un *punto* y una **extensión**, la cual es un sufijo empleado para indicar características de su contenido, el uso pretendido o el software con el cual puede ser empleado. Por ejemplo, un archivo que se llama *planilla.xlsx* es una hoja de cálculo de Excel o un archivo llamado *codigo.R* es un script de código de R.

### 6.1. Registros, campos, claves y bases de datos

En esta asignatura nos limitaremos a trabajar con archivos que guardan información de forma tabular, en los que la unidad elemental que los compone es un **registro**, es decir, una colección de información relativa a una misma entidad. En general, cada registro de un mismo archivo tiene la misma estructura que los demás. Los datos individuales sobre dicha entidad se organizan en **campos**. Un **campo** es la mínima unidad de información de un registro. Por ejemplo:

**ARCHIVO:** Pasajeros

Campo 1 - Pasaporte: número de pasaporte del pasajero, tipo carácter

Campo 2 - Nombre: nombre del pasajero, tipo carácter

Campo 3 - NroVuelo: número del vuelo, tipo carácter

Campo 4 - FechaVuelo: fecha del vuelo, tipo carácter

Campo 5 - NroAsiento: número del asiento, tipo carácter

Campo 6 - Origen: ciudad de origen, tipo carácter

Campo 7 - Destino: ciudad de destino, tipo carácter

Campo 8 - Precio: precio del pasaje, tipo numérico

Pasaporte	Nombre	NroVuelo	FechaVuelo	NroAsiento	Origen	Destino	Precio
AAA235687	Pamela Suárez	AR6071	12/09/17	17A	Rosario	Córdoba	7532.23
BCA587681	Gonzalo Echarri	AR5423	14/09/17	31B	Rosario	Buenos Aires	6424.10
...	...	...	...	...	...	...	...

Un campo está caracterizado por el tipo de datos que almacena (caracter, numérico, lógico) y en algunos contextos

es necesario precisar su longitud (por ejemplo, cantidad de caracteres admitidos como máximo en los datos del campo). Algunos lenguajes, como R, admiten trabajar con campos de longitud variable (sin necesidad de que sea especificada con anticipación).

En el contexto del análisis de datos, cada columna o *campo* en este tipo de archivos puede representar una variable observada sobre los individuos o unidades de interés, los cuales se encuentran dispuestos en las sucesivas filas.

Generalmente suele ser necesario identificar de manera única a cada registro de un archivo. Para esto suele considerarse a uno de los campos del archivo como el **campo clave** o, más sencillamente, **clave**. La **clave** o *key* es el campo que identifica inequívocamente a cada registro, permitiendo diferenciarlo del resto, como podría ser el número de pasaporte en el ejemplo anterior. En ocasiones donde no hay un campo *clave* es posible identificar un registro a través de la combinación de los valores presentes en más de uno de los campos.

Por último, cabe mencionar que llamamos **base de datos** a un conjunto de archivos que contienen datos relacionados entre sí, vinculados mediante sistemas complejos que enlazan las claves de uno y otro archivo y que pueden ser consultados mediante el uso de software especializado. Por eso, cuando trabajamos con los datos almacenados en un único archivo, es conveniente referirse a los mismos como “conjunto de datos” y no como “base de datos”.

## 6.2. Organización de archivos

Existen distintos tipos de organización de los archivos según la forma en la que se pueda acceder a cada uno de sus registros:

### ■ Organización secuencial

Los registros se encuentran en cierto orden que debe ser respetado para la lectura de los mismos. Para leer el registro situado en la posición  $n$ , el programa previamente tiene que pasar por los  $n-1$  registros que ocupan las posiciones anteriores.

Los archivos de tipo secuencial en general ocupan menos memoria y suelen ser utilizados para guardar contenidos que sufren pocas modificaciones. Los registros se graban consecutivamente en el soporte que los aloja (por ejemplo, en el disco). El orden físico con el que fueron escritos los registros coincide con el orden de lectura de los mismos.

Los registros pueden leerse uno por uno hasta llegar al final del archivo, donde se indica de alguna manera el fin del mismo, muchas veces a través de un carácter especial como un asterisco o de una línea en blanco. Esta marca generalmente se conoce como *EOF* (*end of file*). La mayoría de los lenguajes de programación disponen de una función lógica que devuelve un valor **VERDADERO** cuando se alcanza el final del archivo.

### ■ Organización directa

Son archivos que están organizados de manera que se pueda acceder de forma directa a cada registro mediante su posición en el soporte físico que lo contiene, sin tener que pasar secuencialmente por los registros anteriores. Poseen la ventaja de brindar un acceso rápido a la información y la posibilidad de leer y escribir registros en cualquier posición y orden.

Se puede mencionar como desventaja de este tipo de organización el hecho de que requiere la programación de la forma de identificar la posición de un registro a partir de alguno de los valores de sus campos, generalmente, la *clave*. Esto se hace mediante un algoritmo de transformación de la clave (llamado *hash function*) que a partir de la misma devuelve la dirección del registro en el soporte físico. El archivo debe diseñarse teniendo en cuenta de antemano una cantidad total de registros fija.

### ■ Organización indexada

Los archivos están estructurados de manera que los registros se pueden localizar sin pasar por los anteriores, consultando en una tabla adicional de índices la zona del archivo donde se encuentra el registro buscado. Esto permite localizar un registro por medio de su clave o del valor de algún campo en particular.

Para imaginarnos esto, podemos pensar que un diccionario es un ejemplo de un archivo indexado, ya que podemos encontrar la región donde se encuentra un registro (palabra) mediante el índice de letras. Si queremos buscar el término “programación” en un diccionario, no recorremos todas las palabras del mismo desde la “A” hasta encontrar el término de interés, sino que buscamos en el índice en qué página del diccionario se encuentra la “P” y comenzamos una búsqueda secuencial desde la misma.

Un archivo indexado, entonces, cuenta en realidad con dos archivos, uno de índices (que se recorre de forma secuencial) y otro con los registros propiamente dichos. Posee la ventaja de brindar un rápido acceso a los registros, pero con el costo de utilizar espacio adicional para la tabla de índices.

La organización más sencilla y más comúnmente empleada es la **secuencial**, aunque en algunos casos puede no ser la más eficiente. Si bien no todos los lenguajes de programación permiten el trabajo con archivos indexados o de organización directa, todos pueden manejar archivos secuenciales.

En este curso trabajaremos solamente con archivos cuyos registros estén organizados de forma secuencial y que puedan ser registrados como documentos de Excel (extensión *.xlsx*) o archivos de texto (extensión *.txt* o *.csv*).

Un **archivo de texto** (también conocido como *texto llano* o *texto simple*) es un archivo informático que contiene únicamente texto formado por una secuencia ordenada de caracteres. El texto almacenado en este tipo de archivo carece de cualquier tipo de formato tipográfico (negrita, cursiva, colores, subrayado, fuente, etc.), lo cual permite que una gran variedad de programas pueda leer y editar el contenido. Cada renglón en el archivo de texto es un registro y los distintos campos suelen estar señalizados con tabulaciones (archivos *.txt*) o separados por comas o punto y comas (archivos *.csv*).

Los archivos de texto están compuestos por caracteres ordinarios, como las letras, números y signos de puntuación, y por caracteres especiales que indican, por ejemplo, saltos de línea (*\n*) y tabulaciones (*\t*). Pero como en realidad las computadoras solamente entienden números, cada carácter es codificado internamente con una representación numérica binaria, que nosotros nunca llegamos a ver. Distintas maneras de hacer esta representación dan lugar a diferentes formatos de codificación de caracteres (como *ASCII*, *ISO-8859-1* o *UTF-8*). Si en alguna oportunidad abrimos un archivo y nos percatamos que caracteres como la “ñ” o las tildes han sido reemplazadas por otros produciendo un aspecto “raro”, significa que el archivo ha sido abierto empleando una codificación diferente de la que se utilizó al crear el archivo. La solución para este problema es muy sencilla, sólo hay que cambiar la opción de codificación a la hora de guardar o de abrir el archivo.

### 6.3. Operaciones sobre archivos

El uso de archivos en programación es muy importante ya que nos permite leer datos para hacer algún tipo de procesamiento y también guardar resultados obtenidos. El sistema operativo de la computadora es el que se encarga de manipular los archivos para que podamos leerlos o escribir en ellos, pero debemos aprender las sentencias que el lenguaje de programación elegido utiliza para encargarle esas tareas al sistema operativo. Además, necesitamos elegir una forma clara para comunicar estas acciones mediante pseudocódigo en los algoritmos.

Los procedimientos básicos que los programas pueden llevar a cabo sobre los distintos tipos de archivos son:

- **Creación de un archivo**

Para que un archivo pueda ser utilizado, antes tiene que existir, obviamente. Si bien la creación de un nuevo archivo es una tarea propia del sistema operativo, la representaremos en el pseudocódigo de la siguiente forma, donde **nombre** puede ser reemplazado por cualquier nombre que deseemos darle al archivo:

**CREAR ARCHIVO (nombre)**

Una vez que el archivo fue creado y existe, se pueden hacer con él las restantes operaciones. En la mayoría de las aplicaciones que veremos, tendremos archivos que han sido creados con anterioridad y ya tienen registros, por lo cual usaremos pocas veces esta acción.

- **Apertura de un archivo**

Para que un programa pueda operar sobre un archivo, la primera acción que debe realizar es la **apertura** del mismo, que incluye la identificación del archivo a utilizar y el modo (lectura o escritura). Esto hace que el sistema operativo establezca una *conexión* con el archivo que mientras se mantenga activa permitirá la lectura y escritura de registros en el mismo. En pseudocódigo lo indicaremos así:

**ABRIR ARCHIVO (nombre) secuencial, lectura**

**ABRIR ARCHIVO (nombre) secuencial, escritura**

- **Lectura de registros en un archivo**

La **lectura** consiste en transferir información del archivo a la memoria principal usada por el programa. En los archivos de organización secuencial, los registros se leen uno por uno, es decir, línea por línea, hasta llegar al final del archivo. Veremos dos formas de indicar en nuestro pseudocódigo la lectura de todos los registros de un archivo.

*Opción A: registro por registro*

Por ejemplo, si deseamos realizar alguna o algunas acciones con los valores que forman parte de cada registro mientras el archivo es recorrido secuencialmente línea por línea, podemos emplear una estructura iterativa:

```

MIENTRAS FIN DE ARCHIVO (nombre) == FALSO ENTONCES
    LEER SIGUIENTE REGISTRO (nombre) campo1, campo2, ...
    ... realizar operaciones con las variables campo1, campo2, ...
FIN MIENTRAS

```

En cada iteración se lee un registro con la expresión **LEER SIGUIENTE REGISTRO (nombre)**. **campo1** y **campo2** son variables que se definen para representar a los valores leídos de cada uno de los campos (columnas) en el registro que está siendo analizado. Luego de ser leídos, con esos valores se pueden realizar distintas acciones, antes de proseguir con la lectura del siguiente registro.

Al ir recorriendo cada línea del archivo, la expresión **FIN DE ARCHIVO (nombre)** devuelve el valor **FALSO**, pero después de haber leído el último registro, devolverá **VERDADERO**. Esto indica que se ha llegado al final, no quedan registros por leer y se debe detener la estructura iterativa. **FIN DE ARCHIVO (nombre)** también suele indicarse con **EOF (nombre)**.

#### *Opción B: lectura completa*

Otra opción es leer automáticamente todos los registros y almacenarlos en alguna estructura de datos especializada que definamos en el ambiente de trabajo. Para esto, vamos a introducir la noción de **dataset**: una estructura de datos bidimensional (como una matriz) en la cual cada fila representa a un registro y cada columna representa a uno de los campos del archivo, pudiendo entonces almacenar valores de distinto tipo en cada una de ellas (numérico, lógico, carácter). Para indicar que todo el contenido del archivo (llamado **nombre**) debe ser leído y almacenado en un dataset llamado, por ejemplo, **datos**, emplearemos la siguiente expresión:

```
LEER REGISTROS (nombre) A DATASET (datos)
```

Una vez que los registros fueron leídos y almacenados en el dataset, podemos hacer referencia a cada uno de ellos utilizando **índices** como lo hacemos con las matrices. Por ejemplo, **datos[3, 4]** hace referencia al valor correspondiente al cuarto campo en el tercer registro. Así, podemos recorrer todos los registros del dataset con una estructura iterativa para realizar distintas operaciones con ellos:

```
LEER REGISTROS (nombre) A DATASET (datos)
```

```

PARA i DESDE 1 HASTA NFILA(datos) HACER
    ...realizar operaciones con datos[i, 1], datos[i, 2], etc. ...
FIN PARA

```

#### ■ Escritura en un archivo

La **escritura** es la transferencia de información guardada en las variables del programa al archivo. Si el archivo fue abierto en modo de escritura, con la siguiente expresión representamos el agregado de un nuevo registro al final del mismo, donde **valor1**, **valor2**, etc. son los valores que se guardarán en los respectivos campos del archivo, respetando el orden.

```
ESCRIBIR REGISTRO (nombre) valor1, valor2, ...
```

#### ■ Cierre de un archivo

Cuando un programa no vaya a acceder más a un archivo, es necesario indicarlo a través del **cierre** del mismo, para que se interrumpa la conexión establecida por el sistema operativo. Esto hace que se liberen memoria y recursos del sistema, se prevenga la corrupción de los datos y se exprese explícitamente que ya no se hará más uso del mismo. En pseudocódigo lo indicaremos así:

```
CERRAR ARCHIVO (nombre)
```

#### ■ Otras operaciones

Otras operaciones que se pueden realizar sobre los archivos, en base a combinaciones de las anteriores, incluyen a las acciones de:

- *Actualización*: añadir (dar de alta), modificar o eliminar (dar de baja) algún registro.
- *Clasificación*: reubicar los registros de tal forma que queden ordenados por algún campo determinado.
- *Fusión o mezcla*: combinar dos o más archivos para formar uno nuevo.
- *Partición*: subdividir los registros por el valor que toman en algún campo para generar más de un archivo.

## 6.4. Ejemplo

El archivo `reservas.txt` cuenta con los registros de reservas en un famoso hotel de la ciudad de Rosario durante el año 2019. Cada registro del archivo dispone de información acerca del mes de la reserva, tipo de habitación reservada y cantidad de noches de la estadía:

- Archivo: `reservas.txt`
- Campos:
  - `tipohab`: tipo de habitación, numérico (1 = habitación simple, 2 = habitación doble, 3 = habitación triple)<sup>1</sup>.
  - `mes`: mes en el que se realizó la reserva, numérico (1 = enero, ..., 12 = diciembre).
  - `noches`: cantidad de noches reservadas, numérico.

Como ilustración, se muestran los primeros registros del archivo:

	1	tipohab	mes	noches
2	3	1	1	
3	2	1	12	
4	1	1	4	
5	2	1	7	
6	3	1	6	
7	2	1	1	
8	1	1	5	
9	1	1	4	
10	2	1	7	
11	3	1	1	
12	2	1	2	
13	2	1	7	
14	2	1	4	

Figura 6.1: Primeros registros del archivo `reservas.txt`

La primera línea de este archivo de texto contiene los nombres de los campos. La segunda línea contiene los datos correspondientes al registro, que se trata de una reserva para una habitación triple (`tipohab` es igual a 3), en el mes de enero (`mes` es igual a 1) y por 1 noche (`noches` es igual a 1).

Se necesita crear un programa que permita obtener los siguientes resultados:

- Generar la siguiente tabla de contingencia que presenta el número de reservas durante el año 2019 según mes y tipo de habitación:

	Hab. simple	Hab. doble	Hab. triple	Total
Enero				
...				
Diciembre				
Total				

- Determinar el total de pernoctaciones en el hotel durante el 2019, es decir, la cantidad total de noches que los huéspedes se alojaron en el establecimiento (información que cada hotel debe comunicar a la secretaría de turismo de la municipalidad).
- Determinar cuál fue el mes de mayor cantidad de reservas.
- Determinar para cada tipo de habitación el mes con menor número de reservas.

En este link o en el aula virtual podrás encontrar el archivo de datos. Al final de esta sección se presenta el algoritmo y el programa en R que resuelven este problema, pero antes iremos explicando cada parte por separado.

<sup>1</sup>El campo es de tipo numérico porque contiene valores de ese tipo, sin embargo el tipo de habitación es una variable categórica. No debemos confundir estos aspectos.

#### 6.4.1. Lectura de los registros del archivo

En el pseudocódigo, la lectura de los registros comienza con la apertura del archivo. Luego, se recurre a la estrategia de leer todos los registros automáticamente, almacenándolos en una estructura de datos de tipo *dataset*, a la que se le da el nombre **datos**. Una vez que la lectura es realizada, se cierra el archivo y exploramos cuántos registros (filas) y campos (columnas o variables) tiene el dataset:

```
ABRIR ARCHIVO (reservas) secuencial, lectura
LEER REGISTROS (reservas) A DATASET (datos)
CERRAR ARCHIVO (reservas)
ESCRIBIR "El archivo cuenta con" NFILA(datos) "registros de" NCOL(datos) "campos."
```

En R, podemos leer todos los registros de un archivo de texto con campos separados por tabulaciones con la función `read.delim()`, informando la ruta completa hasta la ubicación del archivo en la computadora. Por ejemplo:

```
datos <- read.delim("/home/marcos/GitProjects/introprog/archivos/reservas.txt")
```

RStudio provee asistencia para la importación de datos mediante el botón **Import Dataset** en el panel **Environment**. Sin embargo, para este curso es importante que dichas opciones no sean utilizadas y los datos sean leídos mediante el código propuesto anteriormente. Esto se debe a que algunas de las opciones provistas por RStudio producen estructuras para almacenar datos con ciertas propiedades que imposibilitan la indexación con corchetes tal como la hemos implementado hasta el momento.

Una vez completo este paso, en el ambiente podremos ver listado un nuevo objeto llamado **datos**, junto con una breve descripción del mismo que nos dice que tiene 3853 observaciones (registros) de 3 variables (campos). Si hacemos clic sobre el nombre del objeto se abrirá una pestaña para que podamos explorar su contenido.

Si bien a simple vista parece una matriz numérica como las que ya habíamos utilizado, no lo es. Este objeto es un *dataset*, lo cual significa que sus columnas pueden tener distintos tipos de datos (numérico, carácter, lógico). Más específicamente, si le preguntamos a R de qué tipo de objeto se trata, nos indicará que es un **data.frame**, que es el término que utiliza R para referirse a los conjuntos de datos. Así como tenemos objetos que pueden ser numéricos, lógicos o carácter, vectores, matrices o listas, hay de estos otros objetos que son de tipo **data.frame**:

```
class(datos)
```

```
[1] "data.frame"
```

Existen algunas funciones de R que nos permiten explorar el contenido de un dataset:

```
# Muestra los nombres de las columnas (campos del archivo)
```

```
names(datos)
```

```
[1] "tipohab" "mes"      "noches"
```

```
# Muestra la "estructura" interna del dataset
str(datos)
```

```
'data.frame': 3853 obs. of 3 variables:
$ tipohab: int 3 2 1 2 3 2 1 1 2 3 ...
$ mes    : int 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
$ noches : int 1 12 4 7 6 1 5 4 7 1 ...
```

```
# Muestra la cantidad de filas y columnas
dim(datos)
```

```
[1] 3853     3
```

```
# Muestra la cantidad de filas
nrow(datos)
```

```
[1] 3853
```

```
# Muestra la cantidad de columnas
ncol(datos)
```

```
[1] 3
```

```
# Muestra los primeros registros
head(datos)
```

	tipohab	mes	noches
1	3	1	1
2	2	1	12
3	1	1	4
4	2	1	7
5	3	1	6
6	2	1	1

```
# Muestra los últimos registros
tail(datos)
```

	tipohab	mes	noches
3848	3	12	10
3849	1	12	8
3850	3	12	1
3851	2	12	6
3852	1	12	8
3853	2	12	8

```
# Muestra un resumen de cada campo
```

```
# No siempre tiene sentido (por ejemplo, calcula la media de "tipohab")
```

```
summary(datos)
```

tipohab	mes	noches
Min.	:1.000	Min. : 1.000
1st Qu.	:1.000	1st Qu.: 3.000
Median	:1.000	Median : 7.000
Mean	:1.671	Mean : 6.412
3rd Qu.	:2.000	3rd Qu.: 9.000
Max.	:3.000	Max. :12.000

Detalles de lectura opcional:

- Internamente, un `data.frame` es sencillamente una lista, compuesta por vectores de distinto tipo que tienen todos el mismo largo y que se organizan como columnas. Además, esta lista es almacenada junto con cierta información adicional (*atributos*) que nos permiten manipularla como una estructura tabular.
- Importar un archivo no es la única forma de crear un `data.frame`, también se puede crear uno de forma “manual”, por ejemplo:

```
mis_datos <- data.frame(
  nombre = c("Ale", "Marti", "Edu"),
  edad = c(21, 20, 22)
)
```

	nombre	edad
1	Ale	21
2	Marti	20
3	Edu	22

#### 6.4.2. Recorrer todos los registros para obtener la info necesaria

Una vez leído el archivo, vamos a continuar con los puntos pedidos. El primero de ellos pedía generar un cuadro con el conteo de la cantidad de reservas en cada mes y según el tipo de habitación, incluyendo los totales marginales y el total general. Por otro lado, para el punto b necesitamos sumar el número de noches en cada reserva. Será necesario, entonces, recorrer todos los registros guardados en el dataset `datos` e ir realizando los conteos correspondientes.

El paso más importante es diseñar todas las estructuras de datos que necesitaremos para almacenar esta información. Una buena idea es agarrar papel y lápiz y hacer un bosquejo, por ejemplo, como el que sigue:

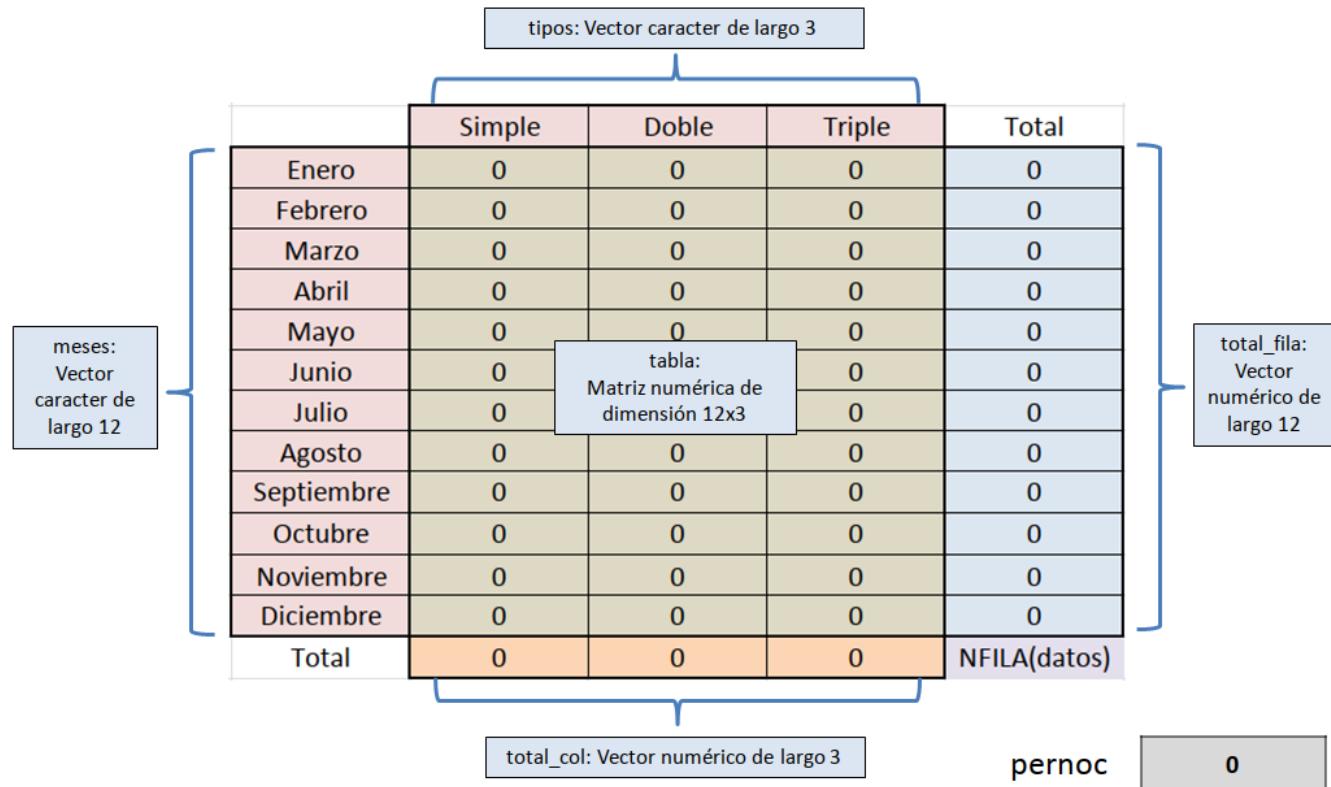


Figura 6.2: Bosquejo de las estructuras de datos necesarias

En la figura anterior se señalan los vectores y matrices necesarios para cumplir con el objetivo. Por ahora, nos concentraremos en obtener los conteos y acumular la cantidad de noches. Más adelante, veremos cómo unir todos los resultados y poner nombres de filas y columnas.

Vamos a declarar la existencia de una matriz numérica llamada `tabla` con 12 filas (para los meses) y 3 columnas (tipos de habitación) para almacenar los conteos; dos vectores `total_fila` y `total_col` para los totales marginales; y una variable `pernoc` para ir sumando el número de noches:

```
# Pseudocódigo
VARIABLE numérica pernoc, tabla(12, 3), total_fila(12), total_col(3)
pernoc <- 0
```

```
# En R
tabla <- matrix(0, 12, 3)
total_fila <- numeric(12)
total_col <- numeric(3)
pernoc <- 0
```

Analicemos ahora el primer registro. En la primera fila del dataset tenemos que el tipo de habitación es triple (`tipohab` es 3), que la reserva se hizo en enero (`mes` es 1) y que sólo consistió de una noche (`noches` es 1), como lo podemos verificar a continuación:

```
# La columna 1 corresponde al tipo de habitación
datos[1, 1]

[1] 3

# La columna 2 corresponde al mes de la reserva
datos[1, 2]

[1] 1

# La columna 3 corresponde a la cantidad de noches
datos[1, 3]

[1] 1
```

Entonces, para completar la tabla de conteos, debemos sumar un 1 para contar este caso en la celda que corresponde a la fila 1 (enero) y columna 3 (habitación triple). Además, debemos ir sumando la cantidad de noches:

```
# +1 en [1, 3] porque es una reserva en enero y habitación triple
tabla[1, 3] <- tabla[1, 3] + 1
```

```
# +1 en pernoc porque la reserva consistió de una sola noche
pernoc <- pernoc + 1
```

Si al inicio del algoritmo declaramos las variables numéricas `tipohab`, `mes` y `noches`, lo anterior puede ser escrito de manera un poco más general así:

```
# Pseudocódigo y R:
tipohab <- datos[1, 1]      # El tipo de habitación es triple (3)
mes <- datos[1, 2]          # El mes es enero (1)
noches <- datos[1, 3]        # La reserva fue por una noche

tabla[mes, tipohab] <- tabla[mes, tipohab] + 1
pernoc <- pernoc + noches
```

Si hacemos lo anterior con cada uno de los registros, podremos obtener los conteos y la suma deseada. Eso lo podemos automatizar con una estructura iterativa. Además, no debemos olvidarnos de que también tenemos que calcular los totales marginales:

```
# Pseudocódigo
PARA i DESDE 1 HASTA NFILA(datos) HACER

    tipohab <- datos[i, 1]
    mes <- datos[i, 2]
    noches <- datos[i, 3]

    tabla[mes, tipohab] <- tabla[mes, tipohab] + 1
    pernoc <- pernoc + noches
    total_fila[mes] <- total_fila[mes] + 1
    total_col[tipohab] <- total_col[tipohab] + 1
```

FIN PARA

```
# En R
for (i in 1:nrow(datos)) {

    tipohab <- datos[i, 1]
    mes <- datos[i, 2]
    noches <- datos[i, 3]

    tabla[mes, tipohab] <- tabla[mes, tipohab] + 1
```

```

pernoc <- pernoc + datos[i, 3]
total_fila[mes] <- total_fila[mes] + 1
total_col[tipohab] <- total_col[tipohab] + 1

}

# Resultados:
tabla

 [,1] [,2] [,3]
 [1,] 200 129 72
 [2,] 202 98 80
 [3,] 131 70 35
 [4,] 113 61 40
 [5,] 169 91 61
 [6,] 139 78 61
 [7,] 298 179 112
 [8,] 105 85 41
 [9,] 138 95 35
[10,] 181 99 67
[11,] 99 68 36
[12,] 200 119 66

total_fila

[1] 401 380 236 214 321 278 589 231 268 347 203 385

total_col

[1] 1975 1172 706

pernoc

[1] 19323

```

Ya casi tenemos la tabla pedida, sólo queda acomodar todas estas cositas para formar un lindo cuadro.

#### 6.4.3. a) Mostrar el cuadro

Tenemos que anexarle a `tabla` los totales fila, los totales columna, el total general y los nombres de fila y columna para poder completar el pedido. Vamos a empezar por definir vectores de tipo carácter que tengan todos los meses del año y los tipos de habitación, para usarlos como nombres de filas y columnas más adelante:

```

# Pseudocódigo
VARIABLE carácter tipos(3), meses(12)
tipos[1] <- "Simple"
tipos[2] <- "Doble"
tipos[3] <- "Triple"
meses[1] <- "Enero"
meses[2] <- "Febrero"
...
meses[12] <- "Diciembre"

# En R
# Crear un vector carácter con todos los nombres de los meses
meses <- c("Enero", "Febrero", "Marzo", "Abril",
         "Mayo", "Junio", "Julio", "Agosto",
         "Septiembre", "Octubre", "Noviembre", "Diciembre")
# Crear un vector carácter con los tipos de habitación

```

```
tipos <- c("Simple", "Doble", "Triple")
```

Siendo que el número total de reservas que se debe colocar en la última celda del cuadro coincide con el total de filas en `datos`, ya tenemos todos los elementos necesarios para mostrar el cuadro pedido, cuya construcción será indicada con el siguiente bloque de pseudocódigo:

```
# Pseudocódigo
MOSTRAR CUADRO
CUERPO tabla
ANEXAR FILA total_col
ANEXAR COLUMNA total_fila NFILA(datos)
NOMBRES FILAS meses "Total"
NOMBRES COLUMNAS tipos "Total"
FIN MOSTRAR CUADRO
```

Comenzando por el cuerpo principal del cuadro que es la matriz `tabla`, la sentencia `ANEXAR FILA total_col` implica que hay que agregarle una fila por debajo, con los valores guardados en `total_col`. Luego, indicamos que esto debe ser concatenado agregándole una columna a la derecha con la sentencia `ANEXAR COLUMNA total_fila NFILA(datos)`. Esta nueva columna estará formada por los valores de `total_fila`, seguido por el valor guardado en `NFILA(datos)`. De esta manera, todas las dimensiones de los elementos que estamos uniendo coinciden.

Finalmente, indicamos que el cuadro así construido debe ser mostrado con ciertos nombres o etiquetas para sus filas y columnas. Por ejemplo, `NOMBRES FILAS meses "Total"` señala que los nombres de las filas están determinados por los valores guardados en el vector `meses` y el valor de tipo carácter `"Total"`.

Lo anterior es suficiente como para expresar la idea de cómo tiene que ser el cuadro, pero al traducirlo a R tendremos que ser más específicos. Por ejemplo, la acción de anexar se puede realizar uniendo vectores y/o matrices con las funciones `rbind()` (*row bind*, unir filas) o `cbind()` (*column bind*, unir columnas). Veamos el siguiente ejemplo pequeño:

*# Concatenar verticalmente, es decir, unir por columnas:*

```
X <- matrix(1:4, 2)
X
```

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

```
Y <- 5:6
Y
```

```
[1] 5 6
```

```
W <- cbind(X, Y)
W
```

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

*# Concatenar horizontalmente, es decir, unir por fila.*

*# A W se le agrega una fila compuesta por los elementos de Z y el número 9:*

```
Z <- 7:8
Z
```

```
[1] 7 8
```

```
rbind(W, c(Z, 9))
```

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

[3,] 7 8 9

Entonces, para unir los conteos que están en `tabla` con los totales marginales y el total general, tenemos que hacer:

```
# Concatenar la tabla con los totales por fila y llamarlo "cuadro"
cuadro <- cbind(tabla, total_fila)
cuadro
```

	total_fila			
[1,]	200	129	72	401
[2,]	202	98	80	380
[3,]	131	70	35	236
[4,]	113	61	40	214
[5,]	169	91	61	321
[6,]	139	78	61	278
[7,]	298	179	112	589
[8,]	105	85	41	231
[9,]	138	95	35	268
[10,]	181	99	67	347
[11,]	99	68	36	203
[12,]	200	119	66	385

```
# Concatenar el cuadro con los totales por columna y el total general
cuadro <- rbind(cuadro, c(total_col, nrow(datos)))
cuadro
```

	total_fila			
[1,]	200	129	72	401
[2,]	202	98	80	380
[3,]	131	70	35	236
[4,]	113	61	40	214
[5,]	169	91	61	321
[6,]	139	78	61	278
[7,]	298	179	112	589
[8,]	105	85	41	231
[9,]	138	95	35	268
[10,]	181	99	67	347
[11,]	99	68	36	203
[12,]	200	119	66	385
[13,]	1975	1172	706	3853

Ahora podemos agregarle nombres a las columnas y a las filas. Para esto debemos definir una `lista`, que se le asigna al objeto `cuadro` como atributo mediante la función `dimnames()`:

```
dimnames(cuadro) <- list("Mes" = c(meses, "Total"),
                           "Tipo de habitación" = c(tipos, "Total") )
cuadro
```

Mes	Tipo de habitación			
	Simple	Doble	Triple	Total
Enero	200	129	72	401
Febrero	202	98	80	380
Marzo	131	70	35	236
Abril	113	61	40	214
Mayo	169	91	61	321
Junio	139	78	61	278
Julio	298	179	112	589
Agosto	105	85	41	231
Septiembre	138	95	35	268
Octubre	181	99	67	347

Noviembre	99	68	36	203
Diciembre	200	119	66	385
Total	1975	1172	706	3853

#### 6.4.4. b) Determinar el total de pernoctaciones en el hotel durante el 2019

Como dijimos antes, el total de pernoctaciones es la suma de las cantidades de noches de cada reserva y a esto ya lo calculamos en la variable `pernoc` mientras recorrimos todos los registros del dataset. Solamente tenemos que mostrar el resultado:

```
# Pseudocódigo
ESCRIBIR "El número total de pernoctaciones en el hotel durante el 2019 fue", pernoc
```

```
# En R
cat("El número total de pernoctaciones en el hotel durante el 2019 fue", pernoc, "\n")
```

El número total de pernoctaciones en el hotel durante el 2019 fue 19323

#### 6.4.5. c) Determinar cuál fue el mes de mayor cantidad de reservas

Para lograr este objetivo tenemos que ver cuál es el valor máximo en el vector `total_fila`. Dado que el mismo tiene la cantidad total de reservas hecha en cada mes, saber en qué posición de este vector se encuentra el máximo nos permitirá determinar de qué mes se trata.

Si prestamos atención nos daremos cuenta que este tipo de problema ya lo hemos resuelto en la práctica 4, en la cual hemos escrito una función llamada `maximo()` que devolvía como resultado tanto el valor máximo en un vector como su posición en el mismo. Entonces, podemos invocar a dicho subalgoritmo:

```
# Pseudocódigo
res <- maximo(total_fila)
ESCRIBIR "El mes de mayor cantidad de reservas fue", meses[res[2]], "con", res[1], "reservas."
```

Si recordamos la definición de la función `maximo()`, veremos que el resultado arrojado, `res`, es un vector de 2 elementos: el primero, `res[1]`, tiene el valor del máximo, mientras que el segundo, `res[2]`, tiene el valor de su posición. Por ejemplo, si `res[2]` vale 7, significa que el máximo está en la posición 7, es decir, en el mes de julio. Como `meses` es un vector que guarda todos los nombres de los meses, indicar `meses[res[2]]` sería equivalente a hacer `meses[7]` que devuelve el valor `Julio`. De esta manera se pudo construir el mensaje mostrado.

En R tenemos que recordar que la función `maximo()` debe existir en nuestro ambiente de trabajo para poder utilizarla. Para esto, tenemos que agregarla a nuestro script y correrla con anterioridad de ejecutar el resto del código, aunque sería más recomendable guardar esta y cualquier otra función que necesitemos en un archivo auxiliar de código de R. De esta forma, el script en el que estamos escribiendo nuestro programa principal queda más limpio y ordenado. Para ejecutar el archivo de código adicional con las funciones que deben ser creadas, podemos hacer uso desde nuestro script principal de la función `source()`, indicando entre los paréntesis el camino hacia dicho archivo de funciones auxiliares:

```
source("/home/marcos/GitProjects/introprog/archivos/funciones.R")
```

En el archivo `funciones.R` se encuentra la definición de la función `maximo()`, la cual ahora está lista para ser usada:

```
res <- maximo(total_fila)

# Ver el contenido de res: valor del máximo
res[1]
```

[1] 589

```
# Ver el contenido de res: posición del máximo
res[2]
```

[1] 7

```
# Mes que le corresponde al máximo
meses[res[2]]

[1] "Julio"

# Generar el mensaje
cat("El mes de mayor cantidad de reservas fue", meses[res[2]], "con",
    res[1], "reservas.\n")
```

El mes de mayor cantidad de reservas fue Julio con 589 reservas.

#### 6.4.6. d) Determinar para cada tipo de habitación el mes con menor número de reservas

Para resolver este último punto tenemos que identificar que lo que se pide es buscar el mínimo valor en cada columna de la matriz `tabla`. La fila en la que se encuentra el mínimo corresponde al mes en el cual se ha presentado el menor número de reservas en cada tipo de habitación. Nuevamente, debemos recordar que en la Práctica 4 hemos escrito un subalgoritmo que se encarga justamente de esto. La función `minimo_matriz_col` identifica el mínimo en una columna en particular de una matriz e informa también en qué fila se encuentra, justo lo que necesitamos. Como lo tenemos que hacer una vez para cada tipo de habitación, es decir, una vez para cada columna, podemos encerrar esto en una estructura iterativa:

```
PARA j DESDE 1 HASTA 3 HACER
  res <- minimo_matriz_col(tabla, j)
  ESCRIBIR "Para las habitaciones de tipo", tipos[j],
    "el mes con menor número de reservas fue", meses[res[2]],
    "con", res[1], "reservas."
FIN PARA

for (j in 1:3) {
  res <- minimo_matriz_col(tabla, j)
  cat("Para las habitaciones de tipo", tipos[j],
    "el mes con menor \n    número de reservas fue",
    meses[res[2]], "con", res[1], "reservas.\n")}
```

Para las habitaciones de tipo Simple el mes con menor número de reservas fue Noviembre con 99 reservas.  
 Para las habitaciones de tipo Doble el mes con menor número de reservas fue Abril con 61 reservas.  
 Para las habitaciones de tipo Triple el mes con menor número de reservas fue Marzo con 35 reservas.

#### 6.4.7. Solución completa

Ahora estamos en condiciones de juntar las piezas de este gran rompecabezas y presentar la solución completa al problema, tanto su algoritmo como su código en R:

ALGORITMO: "Análisis de las reservas en un famoso hotel de Rosario durante el año 2019"  
 COMENZAR

```
VARIABLE numérica pernoc, tipohab, mes, tabla(12, 3), total_fila(12), total_col(3), res(2)
VARIABLE carácter tipos(3), meses(12)

# Lectura de registros en el archivo
ABRIR ARCHIVO (reservas) secuencial, lectura
LEER REGISTROS (reservas) A DATASET (datos)
CERRAR ARCHIVO (reservas)
ESCRIBIR "El archivo cuenta con" NFILA(datos) "registros de" NCOL(datos) "campos."
```

```

# Recorrer todos los registros para obtener la info necesaria
pernoc <- 0
PARA i DESDE 1 HASTA NFILA(datos) HACER

    tipohab <- datos[i, 1]
    mes <- datos[i, 2]
    noches <- datos[i, 3]

    tabla[mes, tipohab] <- tabla[mes, tipohab] + 1
    pernoc <- pernoc + noches
    total_fila[mes] <- total_fila[mes] + 1
    total_col[tipohab] <- total_col[tipohab] + 1

FIN PARA

# a) Mostrar la tabla
tipos[1] <- "Simple"
tipos[2] <- "Doble"
tipos[3] <- "Triple"
meses[1] <- "Enero"
...
meses[12] <- "Diciembre"
MOSTRAR CUADRO
    CUERPO tabla
    ANEXAR FILA total_col
    ANEXAR COLUMNA total_fila NFILA(datos)
    NOMBRES FILAS meses "Total"
    NOMBRES COLUMNAS tipos "Total"
FIN MOSTRAR CUADRO

# b) Determinar el total de pernoctaciones en el hotel durante el 2019
ESCRIBIR "El número total de pernoctaciones en el hotel durante el 2019 fue", pernoc

# c) Determinar cuál fue el mes de mayor cantidad de reservas
res <- maximo(total_fila)
ESCRIBIR "El mes de mayor cantidad de reservas fue", meses[res[2]], "con", res[1], "reservas."

# d) Determinar para cada tipo de habitación el mes con menor número de reservas
PARA j DESDE 1 HASTA 3 HACER
    res <- minimo_matriz_col(tabla, j)
    ESCRIBIR "Para las habitaciones de tipo", tipos[j], "el mes con menor número de reservas fue", meses[r
FIN PARA

FIN

# Correr archivo con funciones creadas anteriormente
source("/home/marcos/GitProjects/introprog/archivos/funciones.R")

# Leer archivo
datos <- read.delim("/home/marcos/GitProjects/introprog/archivos/reservas.txt")

# Programa: "Análisis de las reservas en un famoso hotel de Rosario durante el año 2019"
tabla <- matrix(0, 12, 3)
total_fila <- numeric(12)
total_col <- numeric(3)
pernoc <- 0

```

```

for (i in 1:nrow(datos)) {
  tipohab <- datos[i, 1]
  mes <- datos[i, 2]
  noches <- datos[i, 3]

  tabla[mes, tipohab] <- tabla[mes, tipohab] + 1
  pernoc <- pernoc + noches
  total_fila[mes] <- total_fila[mes] + 1
  total_col[tipohab] <- total_col[tipohab] + 1
}

# a) Mostrar la tabla
# Crear un vector carácter con todos los nombres de los meses
meses <- c("Enero", "Febrero", "Marzo", "Abril",
          "Mayo", "Junio", "Julio", "Agosto",
          "Septiembre", "Octubre", "Noviembre", "Diciembre")
# Crear un vector carácter con los tipos de habitación
tipos <- c("Simple", "Doble", "Triple")
# Concatenar la tabla con los totales por fila y llamarlo "cuadro"
cuadro <- cbind(tabla, total_fila)
# Concatenar el cuadro con los totales por columna y el total general
cuadro <- rbind(cuadro, c(total_col, nrow(datos)))
dimnames(cuadro) <- list(Mes = c(meses, "Total"),
                         "Tipo de habitación" = c(tipos, "Total") )
# Mostrar el resultado
cat("Número de reservas durante el 2019 según mes y tipo de habitación\n")
cuadro

# b) Determinar el total de pernoctaciones en el hotel durante el 2019
cat("\nEl número total de pernoctaciones en el hotel durante el 2019 fue", pernoc, "\n\n")

# c) Determinar cuál fue el mes de mayor cantidad de reservas
res <- maximo(total_fila)
cat("El mes de mayor cantidad de reservas fue", meses[res[2]], "con",
    res[1], "reservas.\n\n")

# d) Determinar para cada tipo de habitación el mes con menor número de reservas
for (j in 1:3) {
  res <- minimo_matriz_col(tabla, j)
  cat("Para las habitaciones de tipo", tipos[j],
      "el mes con menor\n      número de reservas fue",
      meses[res[2]], "con", res[1], "reservas.\n")
}

```

Número de reservas durante el 2019 según mes y tipo de habitación

Tipo de habitación

Mes	Simple	Doble	Triple	Total
Enero	200	129	72	401
Febrero	202	98	80	380
Marzo	131	70	35	236
Abril	113	61	40	214
Mayo	169	91	61	321
Junio	139	78	61	278
Julio	298	179	112	589
Agosto	105	85	41	231

Septiembre	138	95	35	268
Octubre	181	99	67	347
Noviembre	99	68	36	203
Diciembre	200	119	66	385
Total	1975	1172	706	3853

El número total de pernoctaciones en el hotel durante el 2019 fue 19323

El mes de mayor cantidad de reservas fue Julio con 589 reservas.

Para las habitaciones de tipo Simple el mes con menor número de reservas fue Noviembre con 99 reservas.

Para las habitaciones de tipo Doble el mes con menor número de reservas fue Abril con 61 reservas.

Para las habitaciones de tipo Triple el mes con menor número de reservas fue Marzo con 35 reservas.

## 6.5. Creación de archivos y escritura de resultados

Anteriormente hemos mencionado que cuando trabajamos con archivos podemos realizar acciones tanto de lectura como de escritura, aunque hasta el momento nos hemos limitado a leer registros de un archivo. En este apartado presentamos cómo crear un archivo de texto desde R, de manera que pueda utilizarse para escribir y guardar allí los resultados obtenidos.

### 6.5.1. Crear un archivo para guardar resultados

La función `sink()` permite escribir en un archivo de texto todos los resultados que habitualmente vemos en la consola de R. Sus argumentos son:

- `file`: nombre del archivo, si no existe será creado. Se guarda en el directorio de trabajo actual, a menos que indiquemos aquí la ruta completa hacia otra carpeta.
- `append`: si el archivo ya existía, por default lo sobreescribe (borra lo anterior), a menos que indiquemos `append = TRUE` para que agregue nuevas líneas sin borrar nada.
- `split`: por default mientras la conexión al archivo está activa, los resultados que enviamos al mismo no se muestran en la consola de R, a menos que indiquemos `split = TRUE`, en cuyo caso sucederán ambas cosas: los resultados serán escritos en el archivo y se verán en la consola.

Cuando se desea cerrar la conexión al archivo, se debe correr `sink()` sin ningún argumento. Todo lo que *imprimamos* con `cat()` entre ambos llamados a `sink()` se guardará en el archivo. Veamos un ejemplo:

```
a <- matrix(1:9, nrow = 3)
b <- 3
d <- 5
sink(file = "salida.txt", append = TRUE, split = TRUE)
cat("=====\\n")
cat("          ARCHIVO DE RESULTADOS          \\n")
cat("=====\\n\\n")
cat("El valor de b es ", b, ", mientras que d vale ", d, "\\n\\n", sep = "")
cat("Esta es la matriz a:\\n\\n")
a
sink()
```

Así luce el archivo `salida.txt`:

```
=====
          ARCHIVO DE RESULTADOS
=====
```

El valor de b es 3, mientras que d vale 5

Esta es la matriz a:

```
[,1] [,2] [,3]
[1,]    1     4     7
[2,]    2     5     8
[3,]    3     6     9
```

Se deja propuesto como ejercicio implementar esto en el ejemplo anterior, para que los resultados del análisis de las reservas se guarden en un archivo de texto.

### 6.5.2. Crear un archivo para guardar conjuntos de datos, línea por línea

En algunas oportunidades con nuestro trabajo modificamos o generamos nuevos conjuntos de datos o tablas que queremos guardar y para esto necesitamos crear un nuevo archivo. Supongamos que, por ejemplo, como parte de nuestro algoritmo tenemos un dataset llamado `datos` con 4 columnas, cuyo contenido deseamos que sea escrito y guardado en un archivo llamado `mi_archivo.txt`. Siguiendo las convenciones indicadas en la sección 6.3, esto puede ser incorporado en el pseudocódigo de esta forma:

```
CREAR ARCHIVO (mi_archivo)
ABRIR ARCHIVO (mi_archivo) secuencial, de salida
PARA i DESDE 1 HASTA NFILA(datos) HACER
    ESCRIBIR REGISTRO (mi_archivo) datos[i, 1] datos[i, 2] datos[i, 3] datos[i, 4]
FIN PARA
CERRAR ARCHIVO (mi_archivo)
```

En R podemos cumplir este objetivo usando tan solo la ya muy conocida función `cat()`, pero con algunos argumentos adicionales. En `file =` indicamos el nombre del archivo donde queremos escribir. Si el mismo no existe previamente, será creado al correr `cat()`. Con `sep = "\t"` establecemos que los distintos valores a imprimir estarán separados por tabulaciones (podría ser `sep = ","` si queremos generar un archivo de extensión `.csv`). Con `fill = TRUE` nos aseguramos que lo que se imprima en el mismo archivo más tarde con otro llamado a `cat()` se coloque en una línea nueva por debajo. Sabiendo todo esto, podemos crear un nuevo archivo de datos de esta forma:

```
cat("campo1", "campo2", "campo3", "campo4", file = "mi_archivo.txt", sep = "\t", fill = TRUE)
```

Por ahora el archivo sólo tiene una línea con los nombres de los campos, pero todavía no tiene ningún dato. Si quisiera escribir un primer registro, puedo hacer, por ejemplo:

```
cat(23, 1, "hola", 985, file = "mi_archivo.txt", sep = "\t", fill = TRUE, append = TRUE)
```

El argumento `append = TRUE` hace que no se borre lo que hayamos escrito antes. Luego de esta sentencia, el archivo luce así:

```
campo1 campo2 campo3 campo4
23      1       hola    985
```

Claramente, se debe proceder de manera análoga, tal vez haciendo uso de alguna estructura iterativa, para agregar todos los registros que se deseen en el archivo.

### 6.5.3. Crear un archivo para guardar conjuntos de datos, todos los registros juntos

Si bien lo anterior sigue la estructura planteada en el pseudocódigo, R provee una gran variedad de funciones para guardar todo el contenido de un objeto de tipo `data.frame` en un archivo de una sola vez, como se muestra en los ejemplos que siguen, en los cuales suponemos que deseamos guardar el contenido de un `data.frame` llamado `mis_datos` en un archivo llamado `mi_archivo`:

```
# Guardarlo en un archivo de texto separado por tabulaciones
write.table(mis_datos, "mi_archivo.txt", quote = FALSE, row.names = FALSE, sep = "\t")

# Guardarlo en un archivo de texto separado por comas
write.csv(mis_datos, "mi_archivo.txt", quote = FALSE, row.names = FALSE)
```

```
# Guardarlo en un archivo de Excel
# install.packages("writexl")
library(writexl)
write_xlsx(mis_datos, "mi_archivo.xlsx")
```



# Unidad 7

## Otros tópicos

Las reglas que aprendimos para escribir el pseudocódigo nos permiten traducir nuestros algoritmos a cualquier lenguaje de computación de manera muy general y sencilla. Sin embargo, cada lenguaje de programación tiene diseñado su propio conjunto de funciones y estructuras de datos que facilitan algunas tareas. Una vez que hemos incorporado los conceptos básicos de la programación, podemos dedicarnos a aprender las profundidades de un lenguaje en particular.

En este capítulo vamos mencionar algunas cosas útiles sobre R.

### 7.1. Más funciones predefinidas

En este proceso de aprendizaje sobre programación hemos encarado la tarea de escribir muchas funciones que, por lo general, ya forman parte de la sintaxis básica de cualquier lenguaje de programación. Sí... hemos trabajado de más, ¡pero fue para poder aprender! Ahora vamos a mencionar algunos ejemplos de funciones que fuimos capaces de programar por nuestros propios medios, pero que ya estaban disponibles en R. De hecho, en la sección 4.3.1 vimos que R tiene funciones predefinidas para que podamos cumplir muchas tareas con facilidad.

Recordemos algunos ejercicios:

- En la sección 4.3.1 vimos la definición de una función para el cálculo de factoriales, que a su vez usamos en el ejercicio 1 de la **Práctica 3** para crear una función que calcule números combinatorios. R ya trae funciones que cumplen ese rol:

```
# Cálculo de factoriales
factorial(5)
```

```
[1] 120
```

```
# Cálculo de números combinatorios
choose(10, 2)
```

```
[1] 45
```

- En el **ejercicio 1** de la **Práctica 4** definimos la siguiente función para sumar los elementos de un vector:

```
suma <- function(v) {
  rtdo <- 0
  for (i in 1:length(v)) {
    rtdo <- rtdo + v[i]
  }
  return(rtdo)
}

mi_vector <- c(60, -5, 0, 12, 1)
suma(mi_vector)
```

```
[1] 68
```

Sin embargo, podríamos usar directamente la función `sum()` de R:

```
sum(mi_vector)
```

```
[1] 68
```

- En el **ejercicio 3** de la **Práctica 4** creamos las funciones `ordenar_asc()` y `ordenar_des()` para ordenar los elementos de un vector. Esto se puede hacer así:

```
sort(mi_vector)
```

```
[1] -5  0  1 12 60
```

```
sort(mi_vector, decreasing = TRUE)
```

```
[1] 60 12  1  0 -5
```

- En el **ejercicio 4** de la **Práctica 4**, escribimos funciones para encontrar el mínimo o el máximo en un vector, al igual que su posición. R nos facilita estas funciones para lograr lo mismo:

```
# Valor mínimo
min(mi_vector)
```

```
[1] -5
```

```
# Posición del mínimo en el vector
which.min(mi_vector)
```

```
[1] 2
```

```
# Valor máximo
max(mi_vector)
```

```
[1] 60
```

```
# Posición del máximo en el vector
which.max(mi_vector)
```

```
[1] 1
```

```
# Al igual que nuestra función, si el valor se repite nos da la posición de su
# primera ocurrencia
w <- c(0, 5, 2, 3, 5, 4)
max(w)
```

```
[1] 5
```

```
which.max(w)
```

```
[1] 2
```

```
# Pero podemos obtener todas las posiciones así:
which(w == max(w))
```

```
[1] 2 5
```

- También podemos aplicar esto a la búsqueda de mínimos y máximos en una matriz:

```
A <- matrix(sample(100, 20), nrow = 5)
A
```

	[,1]	[,2]	[,3]	[,4]
[1,]	9	77	19	46
[2,]	29	62	20	38

```
[3,] 45 25 98 56
[4,] 11 54 22 35
[5,] 16 59 2 6

# Valor máximo
max(A)

[1] 98

# Posición (arr.ind = TRUE para que nos indique fila y columna)
which(A == max(A), arr.ind = TRUE)

  row col
[1,] 3   3

# Máximo en cada fila de A (la función apply aplica la función provista, max,
# a cada fila de A)
apply(A, 1, max)

[1] 77 62 98 54 59

# Si en lugar de 1 ponemos 2, tenemos el máximo en cada columna
apply(A, 2, max)

[1] 45 77 98 56

# Posición del máximo en cada fila
max.col(A) # Una opción

[1] 2 2 3 2 2

apply(A, 1, which.max) # Otra opción

[1] 2 2 3 2 2

# Posición del máximo en cada columna
apply(A, 2, which.max)

[1] 3 1 3 3
```

- En otras ocasiones, puede ser que R no incluya en su instalación base la función que necesitamos, pero que la misma ya haya sido programada por otra persona y esté disponible en un *paquete* que podemos descargar e instalar. Por ejemplo, en el ejercicio 8 de la Práctica 3 escribimos una función llamada `max_com_div()` para hallar el máximo común divisor entre dos naturales. R no tiene una función que compute esto, pero podemos instalar el paquete `FRACTION` que sí la incluye:

```
# install.packages("FRACTION")
library("FRACTION")
gcd(100, 24)
```

```
[1] 4
```

## 7.2. Operaciones vectorizadas

Otro aspecto importante es que la mayoría de las funciones de R están **vectorizadas**. Esto quiere decir que están diseñadas para operar al mismo tiempo con todos los elementos de los vectores y matrices y no es necesario recorrer cada posición, una por una, como aprendimos para incorporar nuestros primeros conocimientos sobre programación. Las funciones operan en todos los elementos sin tener que usar estructuras iterativas, haciendo que el código sea más conciso, fácil de leer y con menos chances de cometer errores.

Recordemos algunas situaciones:

- **Práctica 4, ejercicio 2:** definimos una función para sumar dos vectores:

```
sumar_vectores <- function(u, v) {
  nu <- length(u)
  nv <- length(v)
  if (nu == nv) {
    suma <- numeric(nu)
    for (i in 1:nu) {
      suma[i] <- u[i] + v[i]
    }
    return(suma)
  } else {
    cat("Las dimensiones de los vectores no coinciden\n")
    return(NULL)
  }
}

u <- c(5, 8, 2)
v <- c(2, 3, -1)
sumar_vectores(u, v)
```

```
[1] 7 11 1
```

Pero directamente, podemos hacer `u + v`, puesto que R realizará la suma elemento a elemento entre los dos vectores:

```
u + v
```

```
[1] 7 11 1
```

- **Práctica 4, ejercicio 5:** creamos una función para calcular el producto escalar entre dos vectores. Se puede hacer de manera directa así:

```
sum(u * v)
```

```
[1] 32
```

`u * v` hace la multiplicación elemento a elemento entre los vectores `u` y `v` y luego sumamos con `sum()`.

- **Práctica 4, ejercicio 7:** programamos una función para hacer la suma entre dos matrices:

```
sumar_matrices <- function(A, B) {
  if (nrow(A) == nrow(B) && ncol(A) == ncol(B)) {
    suma <- matrix(NA, nrow(A), ncol(A))
    for (i in 1:nrow(A)) {
      for (j in 1:ncol(A)) {
        suma[i, j] <- A[i, j] + B[i, j]
      }
    }
    return(suma)
  } else {
    cat("Las dimensiones de las matrices no coinciden\n")
    return(NULL)
  }
}

# Ejemplo de su uso
a <- matrix(c(5, 8, 2, 2, 3, 1), nrow = 3)
b <- matrix(c(0, -1, 3, 1, 2, 4), nrow = 3)
a
```

```
[,1] [,2]
```

```
[1,]    5    2
[2,]    8    3
[3,]    2    1

b

[,1] [,2]
[1,]    0    1
[2,]   -1    2
[3,]    3    4

sumar_matrices(a, b)
```

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

Gracias a las operaciones vectorizadas de R, esto se puede resumir en:

```
a + b

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

A continuación presentamos un listado de las operaciones vectorizadas más comunes:

```
# Matrices de ejemplo
a <- matrix(c(5, 3, 1, 1, 8, 2), nrow = 3)
b <- matrix(c(0, -1, 3, 1, 2, 4), nrow = 3)
a
```

```
[,1] [,2]
[1,]    5    1
[2,]    3    8
[3,]    1    2
```

```
b
```

```
[,1] [,2]
[1,]    0    1
[2,]   -1    2
[3,]    3    4
```

```
# Operaciones elemento a elemento
a + b
```

```
[,1] [,2]
[1,]    5    2
[2,]    2   10
[3,]    4    6
```

```
a - b
```

```
[,1] [,2]
[1,]    5    0
[2,]    4    6
[3,]   -2   -2
```

```
a * b
```

```
[,1] [,2]
[1,]    0    1
[2,]   -3   16
[3,]    3    8
```

```
a / b
```

```
[,1] [,2]
[1,]      Inf  1.0
[2,] -3.0000000 4.0
[3,]  0.3333333 0.5
```

```
a^2
```

```
[,1] [,2]
[1,]   25    1
[2,]    9   64
[3,]    1    4
```

```
sqrt(a)
```

```
[,1]      [,2]
[1,] 2.236068 1.000000
[2,] 1.732051 2.828427
[3,] 1.000000 1.414214
```

# Operaciones lógicas elemento a elemento

```
a == 3
```

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

```
b > 0
```

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

```
a > b
```

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

```
a < 0 | b > 0
```

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

# Mínimo y máximo

```
min(a)
```

```
[1] 1
```

```
which(a == min(a)) # posición del mínimo (todas las ocurrencias)
[1] 3 4
apply(a, 1, min) # valor mínimo por fila
[1] 1 3 1
apply(a, 1, which.min) # posición del mínimo por fila (primer ocurrencia)
[1] 2 1 1
apply(a, 1, function(x) which(x == min(x))) # pos del mín por fila (todas las ocurrencias)
[1] 2 1 1
# Sumas y promedios para un vector
v <- c(2, 3, 9, 1, 0)
sum(v)
[1] 15
mean(v)
[1] 3
# Sumas y promedios para una matriz, en general o para cada fila/columna
a
[,1] [,2]
[1,]    5    1
[2,]    3    8
[3,]    1    2
sum(a)
[1] 20
mean(a)
[1] 3.333333
rowSums(a)
[1]  6 11  3
colSums(a)
[1]  9 11
rowMeans(a)
[1] 3.0 5.5 1.5
colMeans(a)
[1] 3.000000 3.666667
# Álgebra matricial
# Transpuesta
t(a)
[,1] [,2] [,3]
```

```
[1,]    5    3    1
[2,]    1    8    2
```

```
# Producto matricial
d <- matrix(1:4, nrow = 2)
a %*% d
```

```
[,1] [,2]
[1,]    7   19
[2,]   19   41
[3,]    5   11
```

```
# Inversa
solve(d)
```

```
[,1] [,2]
[1,] -2  1.5
[2,]  1 -0.5
```

```
# Diagonal
diag(d)
```

```
[1] 1 4
```

### 7.3. Indexación de vectores, matrices y data.frames

Como ya sabemos, indexar es hacer referencia a uno o más elementos particulares dentro de una estructura de datos. Vimos que para indexar a un vector, hace falta sólo un índice:

```
x <- c(10.4, 5.6, 3.1, 6.4, 21.7)
x[3]
```

```
[1] 3.1
```

Y que para indexar matrices, son necesarios dos índices:

```
a <- matrix(c(4,-2, 1, 20, -7, 12, -8, 13, 17), nrow = 3)
a
```

```
[,1] [,2] [,3]
[1,]    4   20   -8
[2,]   -2   -7   13
[3,]    1   12   17
```

```
a[2, 3]
```

```
[1] 13
```

Pero también podemos hacer indexar a múltiples elementos de un vector o una matriz a la vez:

**Vector:**

```
# Mostrar los primeros tres elementos del vector x
x[1:3]
```

```
[1] 10.4 5.6 3.1
```

```
# Mostrar los elementos en las posiciones 2 y 4
x[c(2, 4)]
```

```
[1] 5.6 6.4
```

```
#Mostrar todos los elementos menos el cuarto
x[-4]
```

```
[1] 10.4 5.6 3.1 21.7
```

```
# Mostrar el último elemento
x[length(x)]
```

```
[1] 21.7
```

```
# Indexar con valores lógicos. Obtenemos sólo las posiciones indicadas con TRUE:
x[c(F, F, T, T, F)]
```

```
[1] 3.1 6.4
```

```
# Sabiendo que la siguiente operación devuelve TRUE o FALSE para cada posición de x:
x > 10
```

```
[1] TRUE FALSE FALSE FALSE TRUE
```

```
# ...la podemos usar para quedarnos con aquellos elementos de x mayores a 10:
x[x > 10]
```

```
[1] 10.4 21.7
```

Matriz:

```
# Toda la fila 3
a[3, ]
```

```
[1] 1 12 17
```

```
# Toda la columna 2
a[, 2]
```

```
[1] 20 -7 12
```

```
# Submatriz con las columnas 1 y 2
a[, 1:2]
```

```
[,1] [,2]
[1,]    4   20
[2,]   -2   -7
[3,]    1   12
```

```
# Submatriz con las columnas 1 y 3
a[, c(1, 3)]
```

```
[,1] [,2]
[1,]    4   -8
[2,]   -2   13
[3,]    1   17
```

```
# Asignar el mismo valor en toda la fila 3
a[3, ] <- 10
a
```

```
[,1] [,2] [,3]
[1,]    4   20   -8
[2,]   -2   -7   13
[3,]   10   10   10
```

**data.frames:**

Inventamos un pequeño conjunto de datos de ejemplo con la estructura de los `data.frames` de R:

```
mis_datos <- data.frame(
  altura = c(181, 165, 149, 178),
  peso = c(85, 65, 52, 72),
  edad = c(29, 27, 21, 32)
)
mis_datos
```

	altura	peso	edad
1	181	85	29
2	165	65	27
3	149	52	21
4	178	72	32

Un `data.frame` puede ser indexado de la misma forma empleada con matrices, por ejemplo:

```
mis_datos[3:4, c(1, 3)]
```

	altura	edad
3	149	21
4	178	32

```
mis_datos[3:4, c("altura", "edad")]
```

	altura	edad
3	149	21
4	178	32

Para hacer referencia a una variable dentro del `data.frame`, empleamos la estructura `dataset$variable`. Por ejemplo:

```
mis_datos$altura
```

```
[1] 181 165 149 178
```

Lo anterior resulta en un vector, con el que se pueden hacer operaciones como buscar el valor mínimo:

```
min(mis_datos$altura)
```

```
[1] 149
```

**Ejemplo: cuadrado mágico**

Podemos combinar lo mencionado en esta sección para escribir una nueva versión de la función `cuadrado_magico()`, que desarrollamos en el ejercicio 10 de la práctica 4:

```
cuadrado_magico <- function(cuadrado) {
  # Calcular el primer total fila para tener de control
  control <- sum(cuadrado[1, ])

  # Todos los controles
  sumas_filas <- rowSums(cuadrado)
  sumas_col <- colSums(cuadrado)
  suma_diag1 <- sum(diag(cuadrado))
  suma_diag2 <- sum(diag(cuadrado[nrow(cuadrado):1, ]))
  sumas <- c(sumas_filas, sumas_col, suma_diag1, suma_diag2)

  # Si alguna de las sumas no es igual al control, devolver FALSE
  if (any(sumas != control)) return(FALSE)
  return(TRUE)
}
```

```

}

cuadrado <- matrix(c(16, 3, 2, 13,
                     5, 10, 11, 8,
                     9, 6, 7, 12,
                     4, 15, 14, 1), nrow = 4, byrow = TRUE)
cuadrado_magico(cuadrado)

[1] TRUE

cuadrado <- matrix(c( 0, 3, 2, 13,
                     5, 10, 11, 8,
                     9, 6, 7, 12,
                     4, 15, 14, 1), nrow = 4, byrow = TRUE)
cuadrado_magico(cuadrado)

[1] FALSE

```

## 7.4. Generación de secuencias

A continuación mostramos cómo generar algunos vectores numéricos en R:

```

# Generar vectores con secuencias numéricas

# Enteros de 1 a 5
1:5

[1] 1 2 3 4 5

# Números de 1 a 10 cada 2
seq(1, 10, 2)

[1] 1 3 5 7 9

# Números de 0 a -1 cada -0.1
seq(0, -1, -0.1)

[1] 0.0 -0.1 -0.2 -0.3 -0.4 -0.5 -0.6 -0.7 -0.8 -0.9 -1.0

# Siete números equiespaciados entre 0 y 1
seq(0, 1, length.out = 7)

[1] 0.0000000 0.1666667 0.3333333 0.5000000 0.6666667 0.8333333 1.0000000

# Repetir el 1 tres veces
rep(1, 3)

[1] 1 1 1

# Repetir (1, 2, 3) tres veces
rep(1:3, 3)

[1] 1 2 3 1 2 3 1 2 3

# Repetir cada número tres veces
rep(1:3, each = 3)

[1] 1 1 1 2 2 2 3 3 3

```

```
# Generar una matriz diagonal
diag(c(3, 7, 1, 5))
```

```
[,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 3 0 0 0
[2,] 0 7 0 0
[3,] 0 0 1 0
[4,] 0 0 0 5
```

```
# Generar una matriz identidad
diag(rep(1, 5))
```

```
[,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,] 1 0 0 0 0
[2,] 0 1 0 0 0
[3,] 0 0 1 0 0
[4,] 0 0 0 1 0
[5,] 0 0 0 0 1
```

## 7.5. Resolución alternativa de un ejercicio

Combinando todo lo mencionado hasta acá, podemos plantear una solución alternativa al **ejercicio 1** de la **Práctica 5**.

```
#####
# PROGRAMA: Análisis de los discos de Charly García
#####

# Leer archivo
datos <- read.csv("charly.csv")

# Vector con los nombres de los discos
discos <- c("Yendo de la cama al living", "Parte de la religión",
           "Filosofía barata y zapatos de goma", "Say no more",
           "Influencia", "Random")

# Crear un factor significa asignarle un nombre a cada categoría. Todos los "1"
# serán reemplazados por "Yendo de la cama al living", los "2" por "Parte de la
# religión", etc. Correrlo y ver cómo quedó en el data.frame.
datos$disco <- factor(datos$disco, levels = 1:6, labels = discos)

# a) y b) Cantidad de canciones en cada disco -----
# table() indica la frecuencia absoluta de cada valor en un vector
conteos <- table(datos$disco)
conteos

      Yendo de la cama al living          Parte de la religión
                           8                           10
Filosofía barata y zapatos de goma          Say no more
                                             11                           14
          Influencia                         Random
                                         13                           10

conteos <- matrix(conteos, ncol = 1,
                  dimnames = list(Disco = names(conteos), "Nro de canciones"))
conteos
```

Disco	Nro de canciones
Yendo de la cama al living	8
Parte de la religión	10
Filosofía barata y zapatos de goma	11
Say no more	14
Influencia	13
Random	10

# Menor y mayor cantidad de canciones  
min(conteos)

[1] 8

max(conteos)

[1] 14

# De qué discos se trata  
discos[which.min(conteos)]

[1] "Yendo de la cama al living"

discos[which.max(conteos)]

[1] "Say no more"

# c) Buscar el mayor valor en energía -----  
max(datos\$energico)

[1] 0.949

# Cuál es la fila donde se encuentra el máximo  
which.max(datos\$energico)

[1] 48

# Nombre de la canción con máxima energía  
datos\$tema[which.max(datos\$energico)]

[1] "El Amor Espera"

# Nombre del disco que contiene a la canción con máxima energía  
datos\$disco[which.max(datos\$energico)]

[1] Influencia

6 Levels: Yendo de la cama al living ... Random

# d) Porcentaje de canciones con valor mayor a 0.5 en positivo -----  
porc <- 100 \* mean(datos\$positivo > 0.5)  
porc

[1] 51.51515

# Número de canciones con valor de positivo > 0.5  
sum((datos\$positivo > 0.5))

[1] 34

# e) Tabla de distribución de frecuencias para los valores de acústico -----  
# Con la función cut() agregamos una nueva variable al data.frame que identifica

```
# a qué intervalo pertenece cada valor de acústico (hacer clic en "datos" en
# Environment y observar la nueva columna)
datos$acustico2 <- cut(datos$acustico, breaks = seq(0, 1, 0.2))
tabla <- table(datos$acustico2)
tabla
```

(0,0.2]	(0.2,0.4]	(0.4,0.6]	(0.6,0.8]	(0.8,1]
32	16	7	3	8

```
# prop.table() calcula proporciones, es decir, frecuencias relativas
prop.table(tabla)
```

(0,0.2]	(0.2,0.4]	(0.4,0.6]	(0.6,0.8]	(0.8,1]
0.48484848	0.24242424	0.10606061	0.04545455	0.12121212

```
# Entonces...
cuadro <- cbind(tabla, round(100 * prop.table(tabla), 2))
colnames(cuadro) <- c("Frec. Abs", "Frec. Rel.%")
cuadro
```

	Frec. Abs	Frec. Rel. %
(0,0.2]	32	48.48
(0.2,0.4]	16	24.24
(0.4,0.6]	7	10.61
(0.6,0.8]	3	4.55
(0.8,1]	8	12.12

```
# f) Calcular promedios de cada variable según disco -----
# aggregate() permite calcular el promedio de cada variable para cada grupo
# datos[, 3:13] es la forma de indicar a qué columnas le sacamos el promedio
# by = list(datos$disco) indica que queremos el promedio para cada disco
# FUN = mean indica que a cada variable hay que aplicarle la función mean
promedios <- aggregate(datos[, 3:12], by = list(Disco = datos$disco), FUN = mean)
promedios
```

	Disco	bailable	energico	volumen	hablado	
1	Yendo de la cama al living	0.6837500	0.4603750	-11.991500	0.07821250	
2	Parte de la religión	0.6328000	0.7103000	-8.595500	0.03709000	
3	Filosofía barata y zapatos de goma	0.5923636	0.3843636	-17.392273	0.03637273	
4	Say no more	0.3847857	0.4690714	-14.946929	0.04922143	
5	Influencia	0.5774615	0.5899231	-9.732231	0.06428462	
6	Random	0.6548000	0.7390000	-6.257800	0.03108000	
	acustico	instrumental	vivo	positivo	tempo duracion	
1	0.2933375	0.021097349	0.1717625	0.5172500	105.7604	259585.0
2	0.2783200	0.059160403	0.1407200	0.5642000	113.8903	234867.9
3	0.1078570	0.009021264	0.1138364	0.4998818	110.0092	229543.1
4	0.4143786	0.293317647	0.2162286	0.3436429	109.0935	238400.1
5	0.3960287	0.077699555	0.2357000	0.5994615	109.7010	199760.9
6	0.2022443	0.000144704	0.2617200	0.5968000	113.3571	204040.0

```
# Redondear todas las columnas excepto la primera y la última
promedios[, 2:10] <- round(promedios[, 2:10], 3)
promedios
```

	Disco	bailable	energico	volumen	hablado	acustico
1	Yendo de la cama al living	0.684	0.460	-11.992	0.078	0.293
2	Parte de la religión	0.633	0.710	-8.595	0.037	0.278
3	Filosofía barata y zapatos de goma	0.592	0.384	-17.392	0.036	0.108

```

4           Say no more   0.385   0.469 -14.947  0.049   0.414
5           Influencia  0.577   0.590 -9.732  0.064   0.396
6           Random      0.655   0.739 -6.258  0.031   0.202
instrumental vivo positivo tempo duracion
1       0.021 0.172    0.517 105.760 259585.0
2       0.059 0.141    0.564 113.890 234867.9
3       0.009 0.114    0.500 110.009 229543.1
4       0.293 0.216    0.344 109.094 238400.1
5       0.078 0.236    0.599 109.701 199760.9
6       0.000 0.262    0.597 113.357 204040.0

```

# g) Disco con menor promedio en bailable -----  
min(promedios\$bailable)

```
[1] 0.385
```

```
which.min(promedios$bailable)
```

```
[1] 4
```

```
promedios$Disco[which.min(promedios$bailable)]
```

```
[1] Say no more
6 Levels: Yendo de la cama al living ... Random
```

# Disco con mayor promedio en instrumental  
max(promedios\$instrumental)

```
[1] 0.293
```

```
which.max(promedios$instrumental)
```

```
[1] 4
```

```
promedios$Disco[which.max(promedios$instrumental)]
```

```
[1] Say no more
6 Levels: Yendo de la cama al living ... Random
```

# h) Diferencia entre la duración promedio de las canciones  
# del primer disco y las del último, expresada en minutos.-----  
diferencia <- (promedios\$duracion[1] - promedios\$duracion[6]) / 60000  
diferencia

```
[1] 0.92575
```

Podemos guardar todos estos resultados en un archivo:

```

sink("salida.txt")

cat("----- Cantidad de canciones en cada disco -----\\n")
conteos
cat("\\nEl disco con menor cantidad de canciones es:", discos[which.min(conteos)], "\\n")
cat("El disco con mayor cantidad de canciones es:", discos[which.max(conteos)], "\\n")

cat("\\n----- Energía -----\\n")
cat("La canción con mayor valor de energía (", max(datos$energico), ") es ", 
    datos$tema[which.max(datos$energico)], " y pertenece\\n al disco ",
    discos[datos$disco[which.max(datos$energico))]], ".\\n", sep = "")
```

```

cat("\n----- Positivo -----")
cat("El porcentaje de canciones con valor mayor a 0.5 en Positivo es ", porc,
    "%.\n", sep = "")

cat("\n----- Acústico -----")
cuadro

cat("\n----- Promedio de cada variable según disco -----")
promedios

cat("\n----- Bailable e Instrumental -----")
cat("El disco con menor promedio en bailable (", min(promedios$bailable),
    ") es ", discos[which.min(promedios$bailable)], ".\n", sep = "")
cat("El disco con mayor promedio en instrumental (", min(promedios$instrumental),
    ") es ", discos[which.max(promedios$instrumental)], ".\n", sep = "")

cat("\n----- Duración -----")
cat("La diferencia entre la duración promedio de las canciones del primer disco
y las del último es de ", diferencia, "minutos.\n")

sink()

```

Así se ve el archivo creado:

----- Cantidad de canciones en cada disco -----

Disco	Nro de canciones
Yendo de la cama al living	8
Parte de la religión	10
Filosofía barata y zapatos de goma	11
Say no more	14
Influencia	13
Random	10

El disco con menor cantidad de canciones es: Yendo de la cama al living

El disco con mayor cantidad de canciones es: Say no more

----- Energía -----

La canción con mayor valor de energía (0.949) es El Amor Espera y pertenece al disco Influencia.

----- Positivo -----

El porcentaje de canciones con valor mayor a 0.5 en Positivo es 51.51515%.

----- Acústico -----

	Frec.	Abs	Frec.	Rel.	%
(0,0,2]	32		48.48		
(0.2,0.4]	16		24.24		
(0.4,0.6]	7		10.61		
(0.6,0.8]	3		4.55		
(0.8,1]	8		12.12		

----- Promedio de cada variable según disco -----

		Disco	bailable	energico	volumen	hablado	acustico	instrumental	vivo	positivo
1	Yendo de la cama al living	0.684	0.460	-11.992	0.078	0.293	0.021	0.172	0.51	
2	Parte de la religión	0.633	0.710	-8.595	0.037	0.278	0.059	0.141	0.56	
3	Filosofía barata y zapatos de goma	0.592	0.384	-17.392	0.036	0.108	0.009	0.114	0.50	
4	Say no more	0.385	0.469	-14.947	0.049	0.414	0.293	0.216	0.34	

5	Influencia	0.577	0.590	-9.732	0.064	0.396	0.078	0.236	0.59
6	Random	0.655	0.739	-6.258	0.031	0.202	0.000	0.262	0.59

----- Bailable e Instrumental -----

El disco con menor promedio en bailable (0.385) es Say no more.

El disco con mayor promedio en instrumental (0) es Say no more.

----- Duración -----

La diferencia entre la duración promedio de las canciones del primer disco y las del último es de 0.92575

## 7.6. La consola

Cuando prendemos nuestra computadora nos encontramos con una interfaz gráfica implementada por el sistema operativo para que podamos hacer lo que necesitemos de manera sencilla usando ventanas y menús, interactuando con el sistema a través del mouse, teclado, micrófono o pantalla táctil. Sin embargo, es posible usar la compu de otra forma, escribiendo comandos especiales en una ventanita, llamada **consola** que es capaz de interpretarlos para hacer cualquier tipo de actividad, sin utilizar la interfaz gráfica. Años atrás, esta era la única manera disponible de usar la computadora (por ejemplo, con sistema operativo MS-DOS de Windows).

Saber usar la consola es muy útil para automatizar actividades, realizar tareas administrativas, manipular varios archivos u objetos en simultáneo, lanzar a correr proyectos grandes, conectarse de manera remota a un servidor, etc. La primera vez que uno se mete en esto puede ser intimidante, pero no hay que olvidar que ya estamos acostumbrados a usar la consola de R, con lo cual esto de escribir comandos e interpretar respuestas es algo familiar.

Los términos *terminal*, *consola*, *shell* y *línea de comandos* son términos que a veces se usan como sinónimos sin demasiada preocupación, como si fuesen distintas formas de llamar a lo mismo: una ventanita donde puedo escribir comandos y hacer que sucedan cosas en la computadora. Sin embargo, hay pequeñas diferencias entre estos conceptos, que acá tratamos de resumir (aunque ni siquiera entre informáticos hay mucho acuerdo en las definiciones):

- **Shell** (intérprete de línea de comandos): es software, es un programa que corre otros programas, procesa los comandos que recibe y devuelve resultados Ejemplo: Bash (la más común en sistemas Linux), sh, PowerShell, etc.
- **Terminal**: un programa que propicia la transferencia de input/output entre el usuario y la shell. No ejecuta comandos, pero recibe los comandos que el shell va a procesar. Ejemplos: Command prompt, guake, gnome-terminal, etc. Antiguamente, se trataba de las múltiples estaciones con un monitor y un teclado que una gran computadora tenía para ser usada por varias personas.
- **Consola**: un tipo particular de terminal, con una ventana escribir inputs y leer outputs. Históricamente, se trataba de un panel físico (consola) con controles. Siri o Cortana podrían considerarse terminales, pero no son consolas, ya que no hay que escribir para mandar comandos. Terminal y consola se usan prácticamente como sinónimos.

Para abrir una terminal en Linux se puede usar el atajo **ctrl + alt + t** y en Windows se puede escribir **cmd** en Inicio. Si bien hay muchísimos comandos para utilizar, acá vamos a mencionar algunos como ejemplo:

- Mostrar en qué carpeta (directorio) de la compu estamos situados: *pwd* en Linux o *cd* en Windows
- Listar todos los archivos y carpetas que tenemos en el directorio actual: *ls*
- Entrar a una subcarpeta desde el directorio en el que estamos: *cd nombresubcarpeta*
- Ver la ayuda de los comandos: *help*
- Limpiar la consola: *cls* en Windows o *clear* en Linux
- Cerrar la consola: *exit*

Desde la consola podemos correr nuestros programas de R. Hacer esto es necesario cuando tenemos que programar alguna tarea de gran escala que se ejecutará de manera remota en algún servidor o cuando necesitamos encapsular nuestro programa para que otros lo puedan correr sin siquiera saber nada de R.

Veamos un ejemplo. En mi carpeta *Documents* tengo guardado el siguiente script, en un archivo llamado *mi\_programa.R* que tiene este contenido:

```
a <- matrix(1:9, nrow = 3)
b <- 3
d <- 5
cat("=====\\n")
```

```

cat("RESULTADOS\n")
cat("=====\n\n")
cat("El valor de b es ", b, ", mientras que d vale ", d, "\n\n", sep = "")
cat("Esta es la matriz a:\n\n")
a

```

Para ejecutar este programa desde la terminal, sin abrir RStudio o R, primero me dirijo hasta dicha carpeta con el comando *cd* y luego ejecuto el programa con el comando *Rscript*, que le indica a la computadora que el contenido del archivo *mi\_programa.R* debe ser evaluado por R. Esto es lo que se observa en la consola

```

marcos@marcos-Inspiron-7559:~/Documents/
marcos@marcos-Inspiron-7559:~/Documents$ Rscript mi_programa.R
=====
RESULTADOS
=====
El valor de b es 3, mientras que d vale 5
Esta es la matriz a:

 [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    4    7
[2,]    2    5    8
[3,]    3    6    9
marcos@marcos-Inspiron-7559:~/Documents$ 

```

Figura 7.1: Correr el programa de R desde la consola en Linux

Todo lo que en el programa estaba encerrado en una llamada a la función *cat()* es lo que se mostrará como mensajes en la consola.

Para que lo anterior funcione en Windows, hay que indicarle al sistema operativo que *Rscript* es un comando que se instaló con R y que lo puede encontrar en la carpeta de los archivos del programa R. Esto hay que hacerlo una sola vez editando las **variables de entorno** de Windows, que son cadenas de texto que contienen información acerca del entorno para determinar, por ejemplo, dónde buscar algunos archivos. Para hacerlo hay que seguir estos pasos:

1. Fijarse en qué carpeta de la compu está instalado R. Abriendo el explorador de archivos, seguramente lo encontrás si hacés clic en “Este equipo > Windows (C:) > Archivos de programa > R > R-version > bin”. En esta carpeta tiene que haber dos archivos, llamados “R” y “Rscript”. Si es así, hacé clic en la barra de navegación y copia todo ese camino. Por ejemplo, deberías copiar algo como “C:\Program Files\R\R-3.6.0\bin”.
2. En Inicio, escribir “Entorno” y hacer clic en la opción “Editar las variables de entorno del sistema (panel de control)”.
3. Hacer clic en el botón “Variables de entorno”.
4. En el cuadro “Variables del sistema”, hacer clic en la variable “Path” y luego en “Editar”.
5. Hacer clic en “Nuevo”, pegar la dirección “C:\Program Files\R\R-3.6.0\bin” y dar Enter. Luego, hacer clic en “Aceptar” tres veces para cerrar todo.
6. ¡Listo! Ya podés correr tus programas desde la consola con el comando *Rscript*.

Lo bueno de esto es que si corremos nuestros programas desde la consola, podemos hacer cosas más interactivas. Por ejemplo, para todo lo que pusimos LEER en nuestros pseudocódigo, ahora podemos hacer verdaderamente que la persona usuaria del programa provea los valores correspondientes.

Veamos algunos ejemplos.

### Práctica 2, Ejercicio 1: paridad de un número

La función `scan()` es la que permite *escanear* o *leer* valores que los usuarios ingresen por la consola. Entre sus argumentos tenemos a uno llamado `file`, que si lo seteamos como `file = "stdin"` indica que vamos a leer información desde la consola. Otros argumentos que podemos elegir son `n = 1`, que indica que sólo leeremos un valor y `quiet = TRUE` que le pide a esta función que no emita ningún mensaje. Por ejemplo, si el siguiente código se guarda en el archivo 'paridad.R' y es ejecutado desde la consola, le va a pedir a la persona que lo esté usando que indique cualquier número y luego le va a comunicar si es par o impar:

```
cat("=====\\n")
cat("          PARIDAD DE UN NÚMERO      \\n")
cat("=====\\n\\n")
cat("Ingrese un número entero y presione enter:\\n")
n <- scan(file = "stdin", n = 1, quiet = TRUE)
if (n %% 2 == 0) {
  cat(n, "es par\\n")
} else {
  cat(n, "es impar\\n")
}
```

Esto es lo que ocurre en la terminal:

```
marcos@marcos-Inspiron-7559: ~/Documents
File Edit View Search Terminal Help
marcos@marcos-Inspiron-7559:~/Documents$ Rscript paridad.R
=====
          PARIDAD DE UN NÚMERO
=====

Ingrese un número entero y presione enter:
5
5 es impar
marcos@marcos-Inspiron-7559:~/Documents$ Rscript paridad.R
=====
          PARIDAD DE UN NÚMERO
=====

Ingrese un número entero y presione enter:
120
120 es par
marcos@marcos-Inspiron-7559:~/Documents$
```

Figura 7.2: Programa paridad.R

### Práctica 2, Ejercicio 3: salario

En este ejemplo, tenemos que leer tres valores, dos de los cuales son de tipo carácter. Para poder leer desde la consola un valor de tipo carácter tenemos que indicárselo a la función `scan()` con el argumento `what = .` Si no agregamos este argumento, sólo se aceptan números. Si el siguiente código se guarda en el archivo 'salario.R' y se lo ejecuta desde la consola, produce el resultado que se muestra en la imagen.

```
cat("=====\\n")
cat("          CÁLCULO DEL SALARIO      \\n")
cat("=====\\n\\n")
cat("Ingrese la cantidad de horas trabajadas:\\n")
horas <- scan("stdin", n = 1, quiet = TRUE)
cat("\\nIngrese el día de la semana (DOM LUN MAR MIE JUE VIE SAB):\\n")
```

```

dia <- scan("stdin", what = "", n = 1, quiet = TRUE)
cat("\nIngrese el turno (M T N):\n")
turno <- scan("stdin", what = "", n = 1, quiet = TRUE)

salario <- horas * 400
if (turno == "N") {
  salario <- salario + horas * 200
}
if (turno == "DOM") {
  salario <- salario + horas * 100
}
cat("\nEl salario que se debe abonar es $", salario, "\n", sep = "")

```

```

marcos@marcos-Inspiron-7559:~/Documents$ Rscript salario.R
=====
CÁLCULO DEL SALARIO
=====

Ingrese la cantidad de horas trabajadas:
8

Ingrese el día de la semana (DOM LUN MAR MIE JUE VIE SAB):
LUN

Ingrese el turno (M T N):
T

El salario que se debe abonar es $3200
marcos@marcos-Inspiron-7559:~/Documents$ 

```

Figura 7.3: Programa salario.R

#### Práctica 4, Ejercicio 1: suma de elementos de un vector

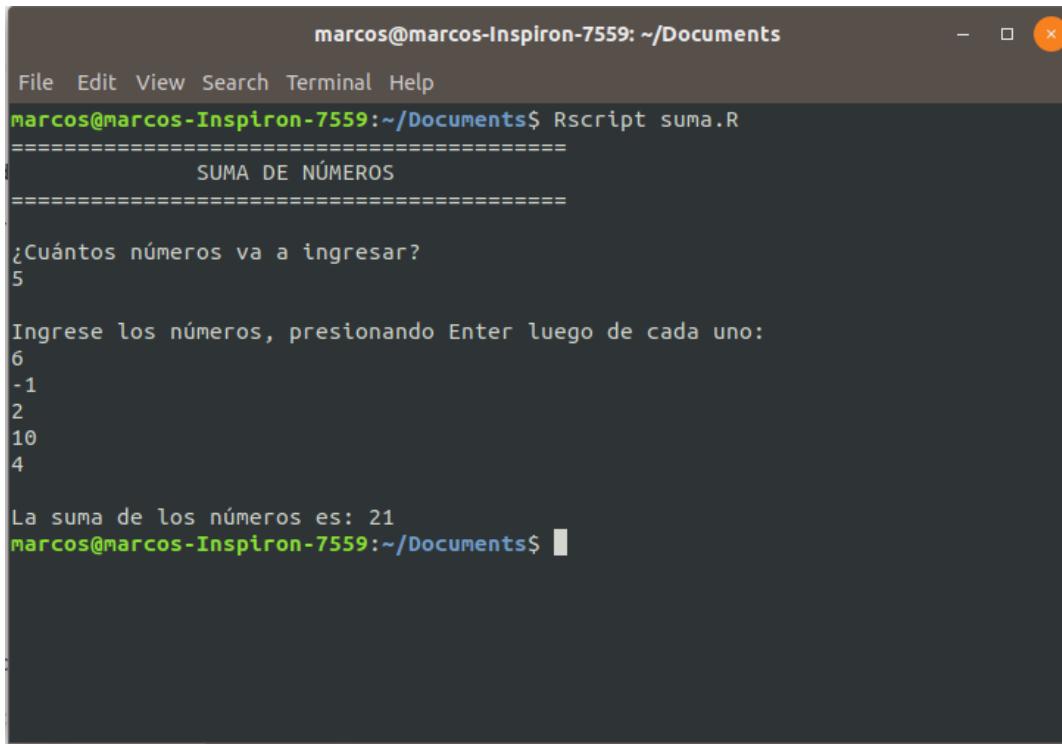
En este ejercicio escribimos una función para sumar los elementos de un vector. Vamos a ver cómo hacer para que un usuario nos diga cuáles son los valores que quiere sumar desde la consola. Primero preguntamos cuántos números se desean sumar y luego los recibimos en el vector *v*. Si el siguiente código queda guardado en el archivo 'suma.R' y se lo corre desde la consola, produce el resultado que se muestra en la imagen.

```

cat("=====\\n")
cat("          SUMA DE NÚMEROS          \\n")
cat("=====\\n\\n")

cat("¿Cuántos números va a ingresar?\\n")
n <- scan("stdin", n = 1, quiet = TRUE)
cat("\nIngrese los números, presionando Enter luego de cada uno:\\n")
v <- scan("stdin", n = n, quiet = TRUE)
suma <- 0
for (i in 1:length(v)) {
  suma <- suma + v[i]
}
cat("\nLa suma de los números es:", suma, "\\n")

```



```
marcos@marcos-Inspiron-7559: ~/Documents
File Edit View Search Terminal Help
marcos@marcos-Inspiron-7559:~/Documents$ Rscript suma.R
=====
SUMA DE NÚMEROS
=====
¿Cuántos números va a ingresar?
5

Ingrese los números, presionando Enter luego de cada uno:
6
-1
2
10
4

La suma de los números es: 21
marcos@marcos-Inspiron-7559:~/Documents$
```

Figura 7.4: Programa suma.R

## 7.7. Otros

Otros tópicos serán agregados aquí.



# Bibliografía

## Bibliografía de la asignatura

- Casale, Juan Carlos (2012). *Introducción a la Programación*. Buenos Aires: Editorial Fox Andina.
- Cerrada Somolinos, José y Collado Machuca, Manuel (2015). *Fundamentos De Programación*. Madrid: Editorial Universitaria Ramón Areces.
- Martínez López, Pablo (2013). *Las bases conceptuales de la Programación: una nueva forma de aprender a programar*. La Plata: Editorial de la Universidad Nacional de Quilmes.
- Quetglás, Gregorio; Toledo Lobo, Francisco; Cerverón Lleó, Vicente (1995). *Fundamentos de informática y programación*. Valencia: Editorial V.J.
- Wicham, Hadley (2019). *Advanced R*. Florida: Editorial Chapman and Hall/CRC.

## Textos consultados para la reseña histórica de la programación:

- Ada Lovelace - Wikipedia. Consultado el 21/04/21.
- Difference engine - Wikipedia. Consultado el 21/04/21.
- Generaciones de las computadoras. Consultado el 21/04/21.
- Generaciones de ordenadores. Consultado el 21/04/21.
- Historia de la programación - Wikipedia. Consultado el 21/04/21.
- Konrad Zuse - people.idsia.ch. Consultado el 21/04/21.
- Los huesos de Napier, la multiplicación árabe y tú. Consultado el 21/04/21.
- Significado de computación. Consultado el 21/04/21.

## Otros artículos consultados

- Aprender programación - Curso de Java. Consultado el 25/04/21.
- Fundamentos de programación. Consultado el 25/04/21.
- Hardware y software: definiciones y conceptos. Consultado el 25/04/21.
- Introduction to programming. Consultado el 25/04/21.
- Programación estructurada. Consultado el 25/04/21.
- The 7 Most Common Types of Errors in Programming and How to Avoid Them. Consultado el 25/04/21.
- What is abstraction in programming?. Consultado el 25/04/21.