

Laboratorio-3.R

Usuario

2025-11-13

```
#####
# Parte 1: Importar datos
#####
dbh <- c(16.5, 25.3, 22.1, 17.2, 16.1, 8.1, 34.3,
       5.4, 5.7, 11.2, 24.1, 14.5, 7.7, 15.6, 15.9,
       10, 17.5, 20.5, 7.8, 27.3, 9.7, 6.5, 23.4,
       8.2, 28.5, 10.4, 11.5, 14.3, 17.2, 16.8)

url <- "https://repodatos.atdt.gob.mx/api_update/senasica/actividades_inspeccion_movilizacion/29_activida
inspeccion <-read.csv(url)

head(inspeccion)

##          pvif entidad_federativa temporalidad vci   vpi   vli   ci   cai
## 1      Altamira           Tamaulipas Primer trimestre 1105 10875    41 1105  665
## 2     Catazaja           Chiapas Primer trimestre 3743     0    0 3743    0
## 3     Huixtla           Chiapas Primer trimestre 8930  7983 11317 8930 7743
## 4    Trinitaria           Chiapas Primer trimestre 2464  2406 4438 2464 2121
## 5 Cosamaloapan           Veracruz Primer trimestre 6733     0    0 6733    0
## 6   El Tepetate         Nuevo León Primer trimestre 2643  325 12767 2643  974
##          cpi   oci  crsr  crsd
## 1    440    0    4    11
## 2   3743    0   40    0
## 3   1076  111   10    8
## 4    246   97    2    0
## 5   6733    0   29    0
## 6   1669    0   21    5

prof_url_2 <- paste0("https://repodatos.atdt.gob.mx/api_update/senasica/",
                      "actividades_inspeccion_movilizacion/",
                      "29_actividades-inspeccion-movilizacion.csv")
senasica <- read.csv(prof_url_2)
head(senasica)

##          pvif entidad_federativa temporalidad vci   vpi   vli   ci   cai
## 1      Altamira           Tamaulipas Primer trimestre 1105 10875    41 1105  665
## 2     Catazaja           Chiapas Primer trimestre 3743     0    0 3743    0
## 3     Huixtla           Chiapas Primer trimestre 8930  7983 11317 8930 7743
## 4    Trinitaria           Chiapas Primer trimestre 2464  2406 4438 2464 2121
## 5 Cosamaloapan           Veracruz Primer trimestre 6733     0    0 6733    0
## 6   El Tepetate         Nuevo León Primer trimestre 2643  325 12767 2643  974
```

```

##      cpi oci crsr crsd
## 1    440   0    4   11
## 2   3743   0   40    0
## 3   1076  111   10    8
## 4    246   97    2    0
## 5   6733   0   29    0
## 6   1669   0   21    5

# No olvidar cargar la paquetería
library(repmis)
conjunto <- source_data("https://www.dropbox.com/s/hmsf07bbayxv6m3/cuadro1.csv?dl=1")

## Downloading data from: https://www.dropbox.com/s/hmsf07bbayxv6m3/cuadro1.csv?dl=1

## SHA-1 hash of the downloaded data file is:
## 2bdde4663f51aa4198b04a248715d0d93498e7ba

head(conjunto) # muestra las primeras seis filas de la BD

##      Arbol Fecha Especie Clase Vecinos Diametro Altura
## 1       1     12      F     C       4    15.3  14.78
## 2       2     12      F     D       3    17.8  17.07
## 3       3      9      C     D       5    18.2  18.28
## 4       4      9      H     S       4     9.7  8.79
## 5       5      7      H     I       6    10.8  10.18
## 6       6     10      C     I       3    14.1  14.90

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

## Rows: 50 Columns: 7

## -- Column specification -----
## Delimiter: ","
## chr (2): Especie, Clase
## dbl (5): Arbol, Fecha, Vecinos, Diametro, Altura
##
## i Use `spec()` to retrieve the full column specification for this data.
## i Specify the column types or set `show_col_types = FALSE` to quiet this message.

head(inventario)

## # A tibble: 6 x 7
##      Arbol Fecha Especie Clase Vecinos Diametro Altura
##      <dbl> <dbl> <chr>   <chr>   <dbl>   <dbl>   <dbl>
## 1       1     12      F     C       4    15.3  14.8
## 2       2     12      F     D       3    17.8  17.1
## 3       3      9      C     D       5    18.2  18.3
## 4       4      9      H     S       4     9.7  8.79
## 5       5      7      H     I       6    10.8  10.2
## 6       6     10      C     I       3    14.1  14.9

```

```

#####
# Parte 2: Operaciones con la base de datos
#####
parcelas <- gl(3,7)
parcelas

## [1] 1 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 3 3 3 3 3 3 3
## Levels: 1 2 3

#se agrego una cifra de dbh para completar los 21 datos
trees <- seq(1,21)
dbh <- c(16.5, 25.3, 22.1, 17.2, 16.1, 8.1, 34.3, 5.4, 5.7, 11.2, 9.7, 6.5, 23.4,
       8.2, 28.5, 10.4, 11.5, 14.3, 17.2, 16.8,17.4)

trees <- data.frame(trees,dbh,parcelas)
View(trees)
trees

##      trees    dbh parcelas
## 1       1 16.5         1
## 2       2 25.3         1
## 3       3 22.1         1
## 4       4 17.2         1
## 5       5 16.1         1
## 6       6  8.1         1
## 7       7 34.3         1
## 8       8  5.4         2
## 9       9  5.7         2
## 10     10 11.2         2
## 11     11  9.7         2
## 12     12  6.5         2
## 13     13 23.4         2
## 14     14  8.2         2
## 15     15 28.5         3
## 16     16 10.4         3
## 17     17 11.5         3
## 18     18 14.3         3
## 19     19 17.2         3
## 20     20 16.8         3
## 21     21 17.4         3

# Agrega el vector dbh como nueva columna en el data frame trees
trees$dbh <- dbh

# El signo de $ informa que necesitamos la columna dbh
mean(trees$dbh)

## [1] 15.51429

sd(trees$dbh)

## [1] 7.808859

```

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

```
## [1] 6
```

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

```
## [1] 6 8 9 11 12 14
```

```
trees.13 <- trees[!(trees$parcela=="2"),]
trees.13
```

```
##      trees   dbh parcelas
## 1       1 16.5         1
## 2       2 25.3         1
## 3       3 22.1         1
## 4       4 17.2         1
## 5       5 16.1         1
## 6       6  8.1         1
## 7       7 34.3         1
## 15     15 28.5         3
## 16     16 10.4         3
## 17     17 11.5         3
## 18     18 14.3         3
## 19     19 17.2         3
## 20     20 16.8         3
## 21     21 17.4         3
```

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

```
##      trees   dbh parcelas
## 6       6  8.1         1
## 8       8  5.4         2
## 9       9  5.7         2
## 11     11  9.7         2
## 12     12  6.5         2
## 14     14  8.2         2
```

```
mean(trees$dbh)
```

```
## [1] 15.51429
```

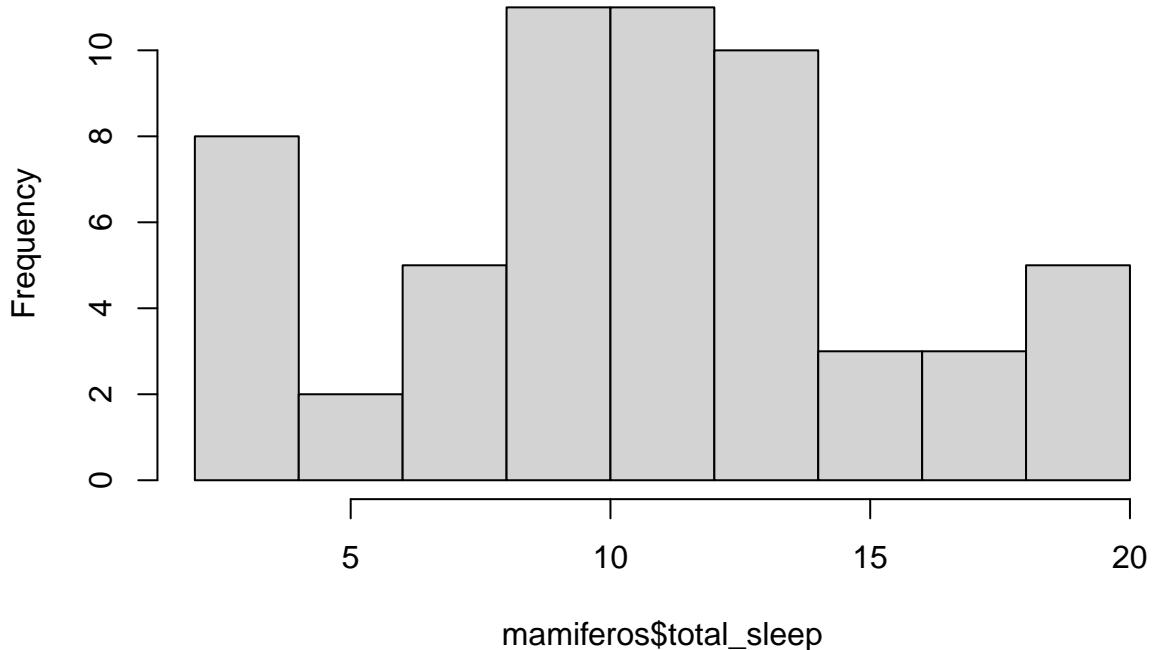
```
mean(trees.1$dbh)
```

```
## [1] 7.266667
```

```
#####
# Parte 3: Representación gráfica
#####
```

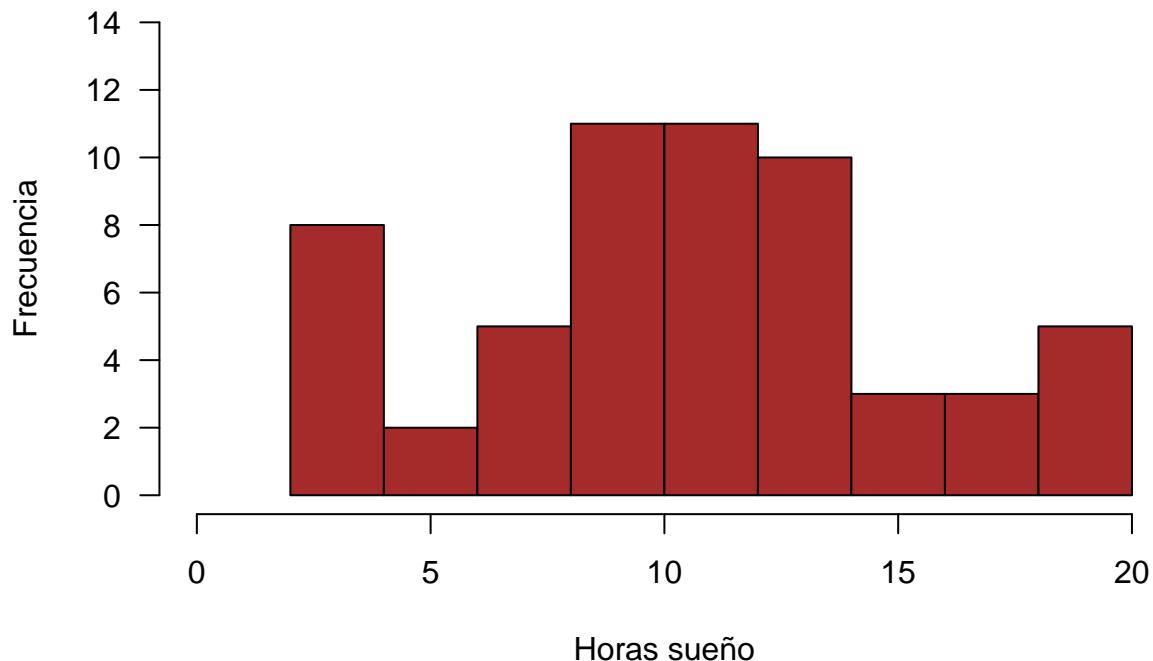
```
mamiferos <- read.csv("https://www.openintro.org/data/csv/mammals.csv")
hist(mamiferos$total_sleep)
```

Histogram of mamiferos\$total_sleep



```
# Histograma
hist(mamiferos$total_sleep, # Datos
      xlim = c(0,20), ylim = c(0,14), # Cambiar los límites de x & y
      main = "Total de horas sueño de las 39 especies", # Cambiar el título
      xlab = "Horas sueño", # Cambiar eje de las x
      ylab = "Frecuencia", # Cambiar eje de las y
      las = 1, # Cambiar orientación de y
      col = "brown") # Cambiar color de las barras
```

Total de horas sueño de las 39 especies



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

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

feeds <- table(chickwts$feed)
feeds

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

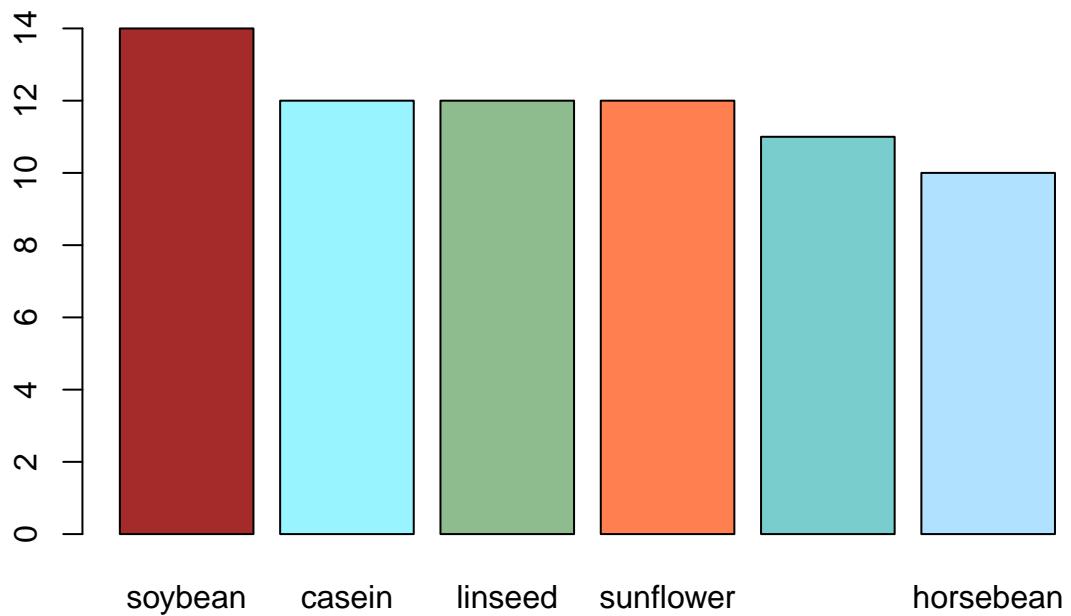
barplot(feeds)
```



```
barplot(feeds, col = c("brown", "cadetblue1", "darkseagreen", "coral", "darkslategray3", "lightskyblue1", "olivedrab", "pink", "red", "teal", "violet", "yellow"))
```



```
barplot(feeds[order(feeds, decreasing = TRUE)], col = c("brown", "cadetblue1", "darkseagreen", "coral", "darkblue", "lightblue"))
```



```
barplot(feeds[order(feeds)], horiz = TRUE,
        col = "skyblue",
        main = "Horas de sueño de las especies",
        xlab = "Número de horas",
        las = 1)
```

Horas de sueño de las especies

