

# 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_actividad_inspeccion"   
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      Catatzaja      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      Catatzaja      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 1 2 2 2 2 2 2 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
```

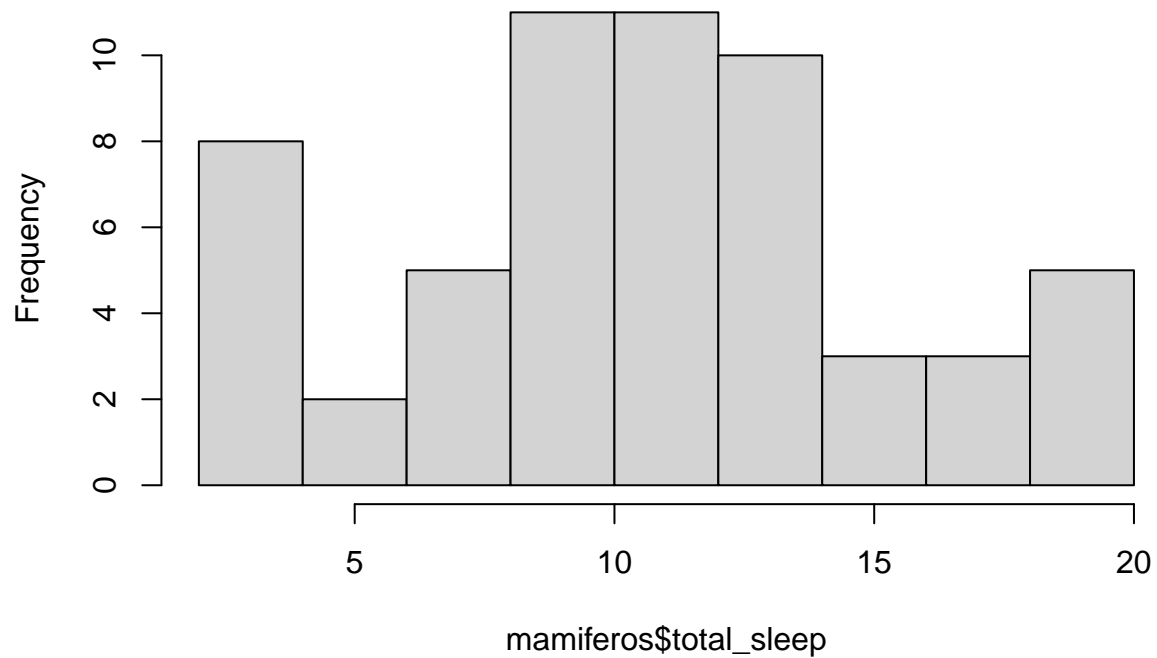
```
mean(trees.1$dbh)
```

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

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

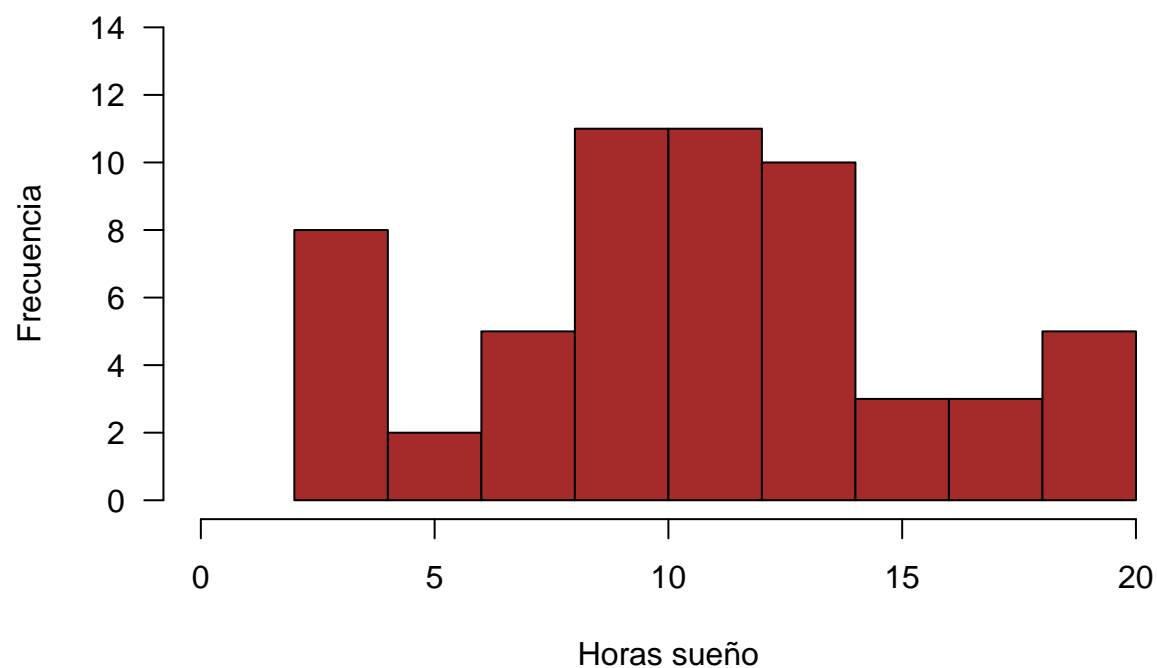
```
mamiferos <- read.csv("https://www.openintro.org/data/csv/mammals.csv")
hist(mamiferos$total_sleep)
```

**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



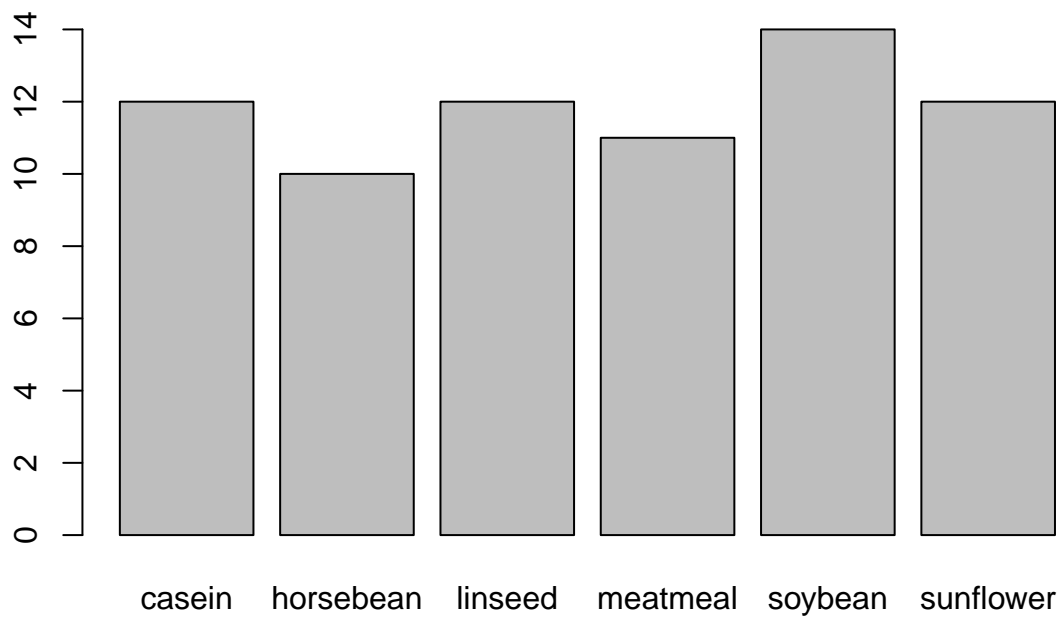
```
# Barplot
data("chickwts")
head(chickwts[c(1:2,42:43, 62:64), ])
```

```
##      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)
```

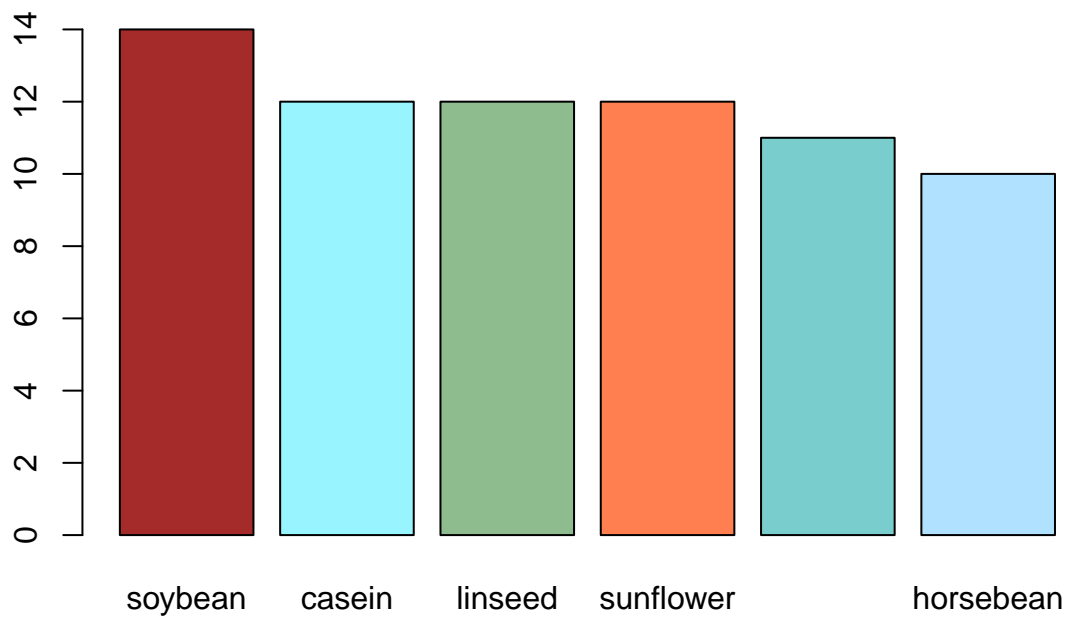


```
barplot(feeds, col = c("brown", "cadetblue1", "darkseagreen", "coral", "darkslategray3", "lightskyblue"))
```



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





```
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

