Metodología Cuantitativa

Clase 1: Introducción a R

Escuela de Trabajo Social - Pontificia Universidad Católica de Chile

Sebastián Rojas Vergara

25 agosto, 2021

Contenidos

- I. ¿Qué es R?
- II. ¿Por qué usar R?
- III. Iniciando R
- IV. Bases de R
- V. Ejercicio y cierre

I. ¿Qué es R?

¿Qué es R? I

- R es un lenguaje de programación para la computación estadística y la visualización creado por Robert Gentleman y Ross Ihaka. La primera versión data de 1995, por lo que el software cuenta con 25 años de desarrollo.
- Tiene la ventaja de ser gratuito y libre. Cualquier persona puede desarrollar nuevas funcionalidades.
- Una forma de contribuir al desarrollo de R es mediante la creación de un paquete. Actualmente existen 17.982 paquetes registrados en el CRAN (Comprehensive R Archive Network).



¿Qué es R? II

- Hay diversas plataformas en las que es posible correr código de R, pero actualmente el estándar es trabajar con el entorno de desarrollo integrado (IDE) RStudio.
- Facilita el trabajo con el software agregando funcionalidades y mejoras de *quality of life*.



II. ¿Por qué usar R?

¿Por qué usar R?: Características del software

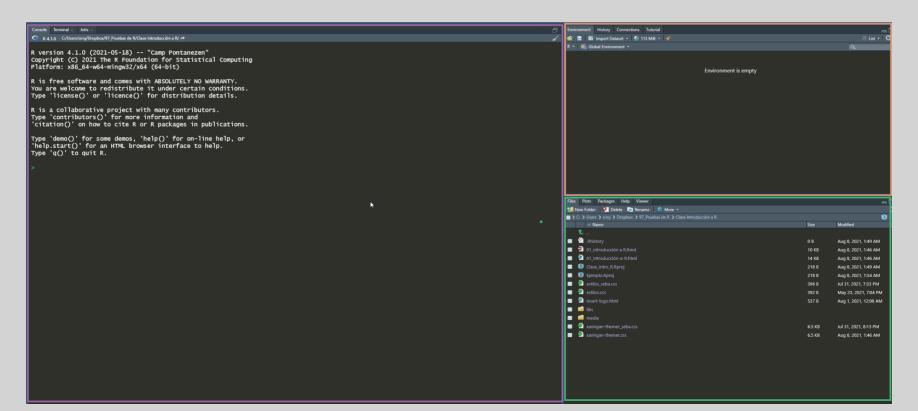
- Porque es **gratuito**, a diferencia de otros softwares que se ven habitualmente en Ciencias Sociales (v.g. SPSS, Stata).
- Porque al ser libre cuenta con una comunidad más amplia que continuamente diseña nuevos paquetes.
- Es **más potente** que sus alternativas y articula de mejor forma la limpieza, análisis, visualización y reportería de datos.
- La desventaja es que tiene una curva de aprendizaje más pronunciada.
- Actualmente en el mercado hay una amplia oferta de diplomados y cursos para aprender R. Asimismo, el interés del sector público y privado en este software está en continuo crecimiento.

III. Iniciando R

RStudio

Al abrir RStudio nos encontraremos con tres paneles:

- La Consola en color lila.
- El **Enviroment** (ambiente de trabajo) en color salmón.
- Las Utilidades en color verde.



Comenzar un Script (.R)

- Los comandos que ejecutamos directamente en la consola no mantienen un registro, por lo que usaremos un script de R para conservar el código. Para iniciar un nuevo script tenemos dos alternativas:
 - 1. Seleccionar *File* → *New File* → *R Script*
 - 2. Usar el atajo *Ctrl/Cmd* + *Shift* + *N*

Ahora, probemos R como una calculadora en nuestro script.

```
1 + 1
```

[1] 2

Instalación de paquetes

- Los paquetes permiten agregar funciones adicionales a R. Para su instalación, debemos usar el comando install.packages("nombrepaquete").
- Se debe tener mucho cuidado con especificar de manera correcta el comando, o arrojará error.
- Para utilizar el paquete ya instalado, en la sesión actual, se debe utilizar el comando library("nombrepaquete").
- Prueben instalando y llamando el paquete **tidyverse**.

IV. Bases de R

Cálculos en R

• Es posible usar R como una calculadora. Las operaciones que más utilizaremos son las siguientes.

	Operación	
+	Suma	
-	Resta	
*	Multiplicación	
/	División	
٨	Potencia	
sqrt	Raíz cuadrada	
log()	Logaritmo base	

Objetos en R

- En R podemos crear objetos que guarden información o resultados. Para ello, se escribe el nombre y se les asigna los valores con el operador <-.
- Los nombres permiten representar resultados de manera más fácil. Ejemplo:
 - 1. Ingresamos tres notas y las dividimos por 3. Este resultado queda guardado en el objeto llamado **"promedio"**.
 - 2. Luego, si queremos ver el resultado, basta con llamar al objeto promedio.
 - 3. Si el nombre del objeto ya existe, se sobreescribirá su contenido.

```
promedio <- (5.5 + 3.8 + 6.1) / 3
```

promedio

[1] 5.133333

Recomendaciones para nombrar objetos

- Evite caracteres especiales como tildes, ñ, espacios, etc.
- Consistencia en los nombres de variables. Puede usar nomenclaturas como **Snake Case** donde los nombres se escriben en el formato "nombre_objeto" o **Camel Case** que sigue el estándar "NombreObjeto".
- Recordar que R es sensible a mayúsculas y minúsculas. En el ejemplo anterior, definimos el objeto **promedio**. Si escribiéramos **Promedio** el software no lo reconocerá.

Tipos de estructuras de datos

• R cuenta con clases y tipos de datos definidos de antemano, los cuales dependen de la información que contengan en su interior. Los comandos **class** y **typeof** sirven para preguntar el tipo de cada elemento.

Tipo de dato	Descripción	Ejemplo
integer	Números enteros	-1, 0, 1
numeric	Números reales	-0.5, 1/2, 1
character	Texto/String	"Erwin", "Armin", "Sasha", "Titanes"
factor	Datos categóricos	"Trabajo Social [1]", "Otra carrera [2]"
logical	Verdadero o falso	"TRUE", "FALSE"

Vectores

• Los vectores son ordenamientos unidimensionales que solo pueden contener un tipo de dato. Se definen con el comando c().

```
vect_numerico <- c(1, 3, 5, 7, 9) # Vector que solo contiene números</pre>
class(vect_numerico)
## [1] "numeric"
vect_letras <- c("Ud.", "Es", "Diabólico") # Solo contiene letras</pre>
class(vect letras)
## [1] "character"
vect_char <- c(67, "40 años", 30) # Recordar que solo puede contener un tipo de dato
class(vect_char)
## [1] "character"
```

Matrices

[3,] 7 8 9

• Las matrices son estructuras bidimensionales, pues tienen filas y columnas, pero donde solo puede existir un tipo de dato. Se pueden generar con el comando matrix().

```
matrix(vector, ncol = n, nrow= m, byrow = FALSE).
matriz_1 <- matrix(1:9, ncol = 3) # Llenado por columnas</pre>
matriz 1
##
   [,1] [,2] [,3]
## [1,] 1 4 7
## [2,] 2 5 8
## [3,] 3 6 9
matriz_2 <- matrix(1:9, ncol = 3, byrow = TRUE) # Llenado por filas</pre>
matriz 2
## [,1] [,2] [,3]
## [1,] 1 2 3
## [2,] 4 5 6
```

Concatenación de vectores

• Los vectores se pueden transformar en una matriz con la ayuda de los comandos **cbind()** y **rbind()**. En el primer caso la concatenación es por columnas y en el segundo por filas.

Concatenar por columnas

```
vector_1 <- c(1:5)
vector_2 <- letters[1:5] # letters es una
# función de R
cbind(vector_1, vector_2)</pre>
```

```
## vector_1 vector_2
## [1,] "1" "a"
## [2,] "2" "b"
## [3,] "3" "c"
## [4,] "4" "d"
## [5,] "5" "e"
```

Concatenar por filas

```
vector_1 <- c(1:5)

vector_2 <- letters[1:5] # letters es una
# función de R

rbind(vector_1, vector_2)</pre>
```

```
## [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## vector_1 "1" "2" "3" "4" "5"
## vector_2 "a" "b" "c" "d" "e"
```

Acceder a los elementos de una matriz

• En R las matrices siempre siguen el orden (filas, columnas). Con esta lógica se puede seleccionar sus elementos: mi_matriz[i, j] ~ i = filas, j = columnas.

```
    mi_matriz[i, ]: selecciona la fila i-ésima de la matriz.
    mi_matriz[, j]: selecciona la columna j-ésima de la matriz.
    mi_matriz[i, j]: selecciona el j-ésimo elemento de la i-ésima fila
```

Realicemos un ejemplo con la matriz_2

[1] 3

```
matriz_2[2,] # Fila 2

## [1] 4 5 6

matriz_2[,3] # Columna 3

## [1] 3 6 9

matriz_2[1,3] # Fila 1, columna 3
```

Data frame y Tibble

- En R los data frame son arreglos de datos bidimensionales (filas y columnas), pero que permiten distintos tipos de datos.
- Es el caso usual de datos estructurados que se ven en los cursos de análisis de datos: las filas representan observaciones y las columnas variables.
- Los **tibbles** son exactamente son muy similares a los data frame, pero con mejoras de calidad de vida. La función proviene del paquete **tidyverse**.
- Se pueden generar directamente tibbles con el comando **tibble** o transformar estructruras previas (como matrices) con **as_tibble**.
- En los tibbles y data frames uno también puede seleccionar directamente filas o columnas. Para ello, existen dos opciones:

```
nombre_base$nombre_variable
nombre_base[["nombre_variable"]]
```

Ejemplo Tibble

1. Crearemos tres vectores.

3 Camila Biología

2. Creamos un objeto para guardar el tibble.

2020

```
nombre <- c("Julieta", "Gabriel", "Camila")</pre>
carrera <- c("Ingeniería", "Historia", "Biología")</pre>
gen \leftarrow c(2016, 2018, 2020)
data_estudiantes <- tibble(nombre, carrera, gen)</pre>
data_estudiantes
## # A tibble: 3 x 3
##
   nombre carrera
                            gen
   <chr> <chr>
                         <dbl>
##
## 1 Julieta Ingeniería
                         2016
## 2 Gabriel Historia
                          2018
```

Listas

Las listas de R son estructuras de datos unidimensionales, pero donde en cada elemento de la lista pueden haber elementos de distinto tipo. Se definen con el comando **list**. Por ejemplo, podrían contener vectores, matrices, tibbles, etc.

Seleccionar elementos de una lista

Se puede acceder a los elementos de las listas usando \$ o [[]], especificando el nombre del elemento o la posición:

```
lista$base_tibble_lista
## # A tibble: 3 x 3
   nombre carrera
                        gen
  <chr> <chr>
                      <dbl>
## 1 Julieta Ingeniería 2016
## 2 Gabriel Historia
                       2018
## 3 Camila Biología
                       2020
lista[[2]]
##
   [,1] [,2] [,3]
## [1,] 1 4 7
## [2,] 2 5 8
## [3,] 3 6 9
## [3,] 3
```

lista[["matriz_lista"]][3,2] # Para acceder a la fila 3 de la columna 2 de la matriz en la lista

[1] 6 24/28

Comentar un Script

Se puede comentar las líneas de código anteponiendo el símbolo #. Con esto podemos:

- Ordenar el código: muy útil cuando lo compartimos o lo necesitaremos más adelante.
- Describir qué es lo que está haciendo el código.
- Indicar el código que no queremos ejecutar.

```
# Este es un comentario para que mi yo del futuro lo recuerde
1 + 1 # R sumará estas operaciones

## [1] 2

# 2 + 2 Este código no se ejecuta porque lo antecede un #
```

Es posible comentar o descomentar una o más líneas de código seleccionándolo y usando el atajo *Ctrl/Cmd* + *Shift* + *C*

Seccionar un Script

Se puede establecer un orden de títulos y subtítulos que ordenen nuestro script mediante el siguiente esquema:

- # y cuatro guiones medios indican una sección.
- ## y cuatro guiones medios indican una subsección anidada a la sección.
- ### y cuatro guiones medios indican una sub-subsección.

```
# Proceso 1 ----

## Subproceso 1.1 ----

### Sub-subproceso 1.1.1 ----
```

Para ver la barra de navegación utilizamos el atajo Ctrl/Cmd + Shift + O.

Guardar un Script

- Si queremos guardar este script, tenemos tres alternativas:
 - 1. Seleccionar el ícono de disquette que está sobre el script.
 - 2. Ir a *File* \rightarrow *Save*.
 - 3. Usar el atajo *Ctrl/Cmd* + *S*.
- Por último, tener en cuenta que RStudio cuenta con **autocompletado** y un **diagnóstico de errores** (aparecerá un ícono con una marca roja en forma de "x" en la línea donde hay problemas).

¡Gracias!

Metodología Cuantitativa

Clase 1: Introducción a R

Escuela de Trabajo Social - Pontificia Universidad Católica de Chile

Sebastián Rojas Vergara

25 agosto, 2021