

Laboratorio_semana_3.R

toryf

2023-02-22

```
#Luis Miguel Toribio Ferrer
```

```
#Fecha: 21/02/2023
```

```
#Laboratorio semana 3
```

```
# Parte_1_Importar_datos -----
```

```
getwd()
```

```
## [1] "D:/Análisis_estadísticos_2023/analisis estadístico/Análisis_estadísticos_2023/Lab_Semana_3"
```

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

```
head(trees)
```

```
##   Trees  dbh
```

```
## 1     1 16.5
```

```
## 2     2 25.3
```

```
## 3     3 22.1
```

```
## 4     4 17.2
```

```
## 5     5 16.1
```

```
## 6     6  8.1
```

```
dbh <- c(16.5, 25.3, 22.1, 17.2, 16.1, 8.1, 34.3, 5.4, 5.7, 11.2, 24.1, 14.5, 7.7, 15.6, 15.9, 10.0, 17.5, 20.5, 7.8, 27.3, 9.7, 6.5, 23.4, 8.2, 28.5, 10.4, 11.5, 14.3, 17.2, 16.8)

#accesar a datos de internet

#datos de URL no seguras (http)

#estos datos se ingresaron de la siguiente manera dado que no se supo la libreria para que corriera como venia en el ejercicio

#ademas se agrego el # para ponerlos como texto porque al momento de copilarlos no dejaba y marcaba como que el programa no encontro el archivo especificado

#prof_url <- source_data("http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/7635/1/accionesInspeccionf oanp.csv")
#head(prof_url)

#datos de URL seguras (https)

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)
```

```
##   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
```

```
#datos de github
```

#cuando el link es muy largo se puede utilizar el pasteo pero dejando la barra / al final de cada separación

```
File <- paste0("https://raw.githubusercontent.com/mgtagle/",
               "202_Analisis_Estadistico_2020/master/cuadro1.csv")
```

```
inventario <- read.csv(File)
head(inventario)
```

```
## 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
```

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

```
# media
```

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

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

```
#desviacion estandar
sd(trees$dbh)
```

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

```
# seleccion mediante restricciones
```

```
#igual o mayor (>=), mayor que (>), igual que (==)
```

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

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

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

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

```
#cuales individuos son inferiores a dbh<10
```

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

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

```
#excluir diametro que se encuentra en la parcela 2
```

```
# no tenemos la columna de parcelas en los datos
```

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

```
head(trees.13)
```

```
## data frame with 0 columns and 6 rows
```

```
#seleccion de una submuestra #diametro menores o iguales a 10
```

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

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

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

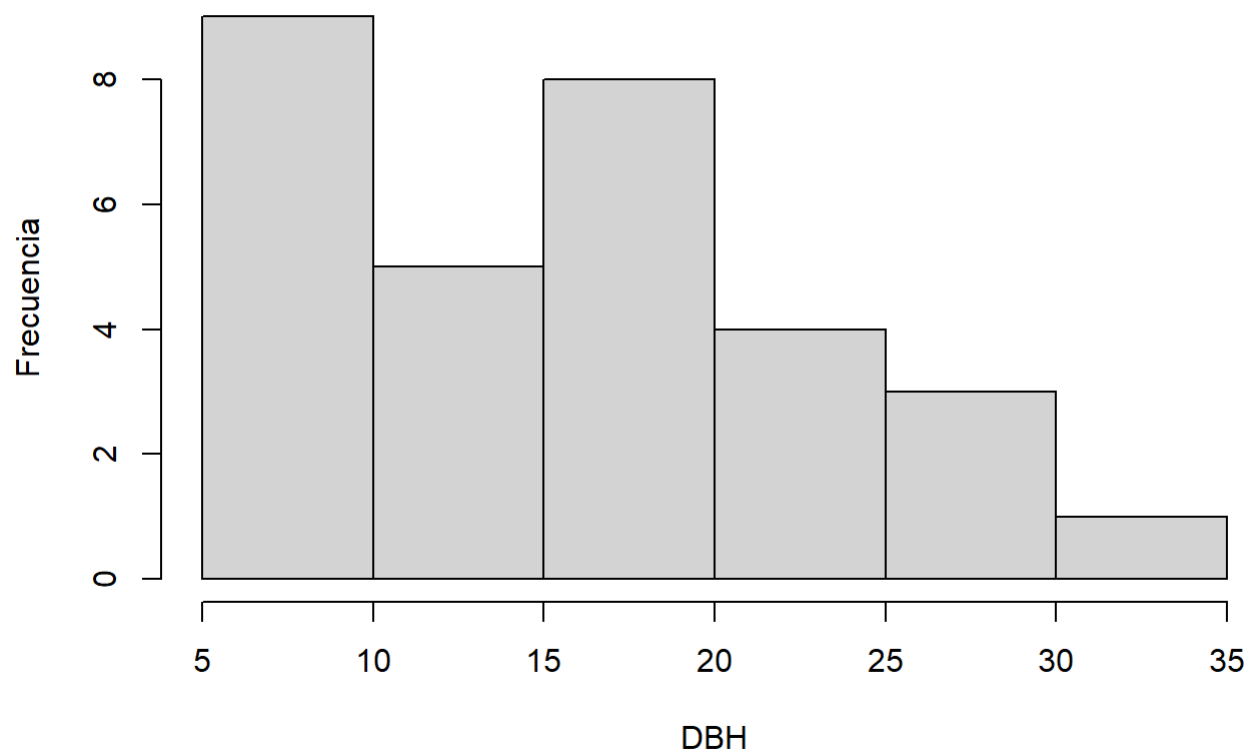
```
## [1] 15.64333
```

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

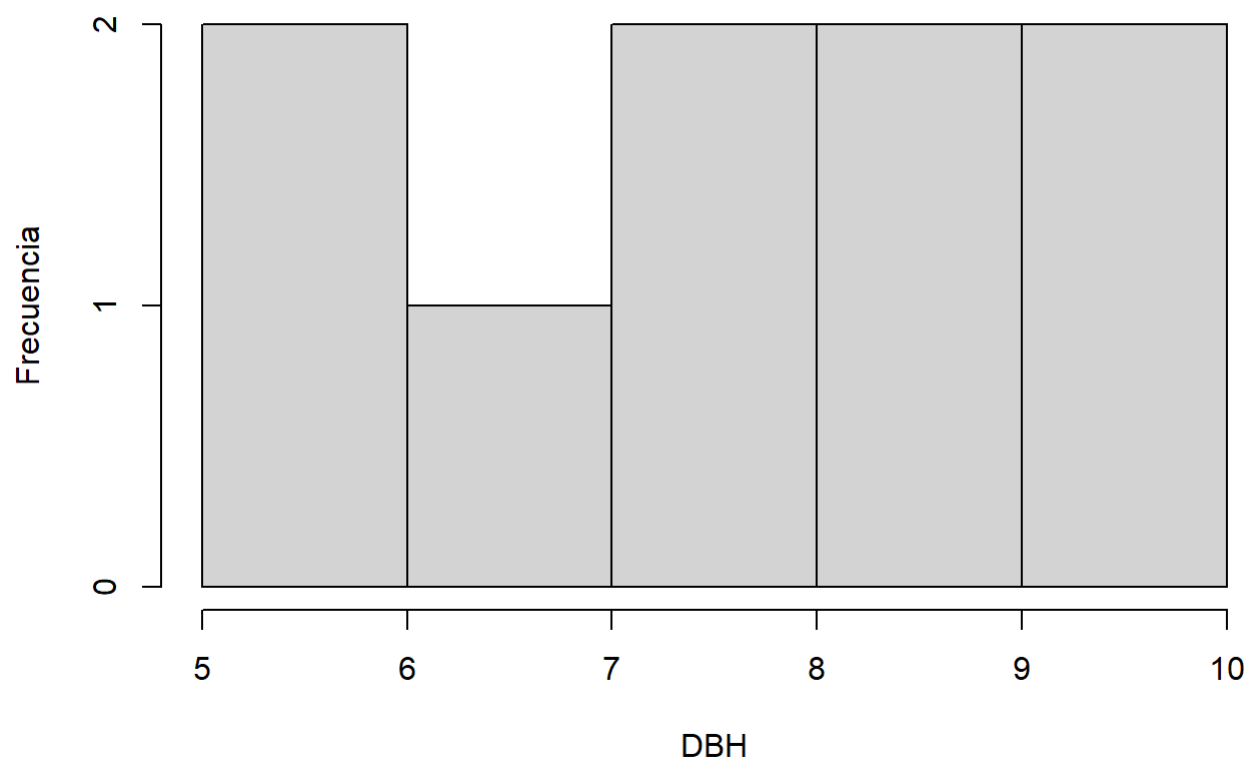
```
## [1] 7.677778
```

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

Muestra orinal trees



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

dbh < 10 cm. trees.1

```
# Parte 3 Representacion grafica -----
```

```
#histogramas
```

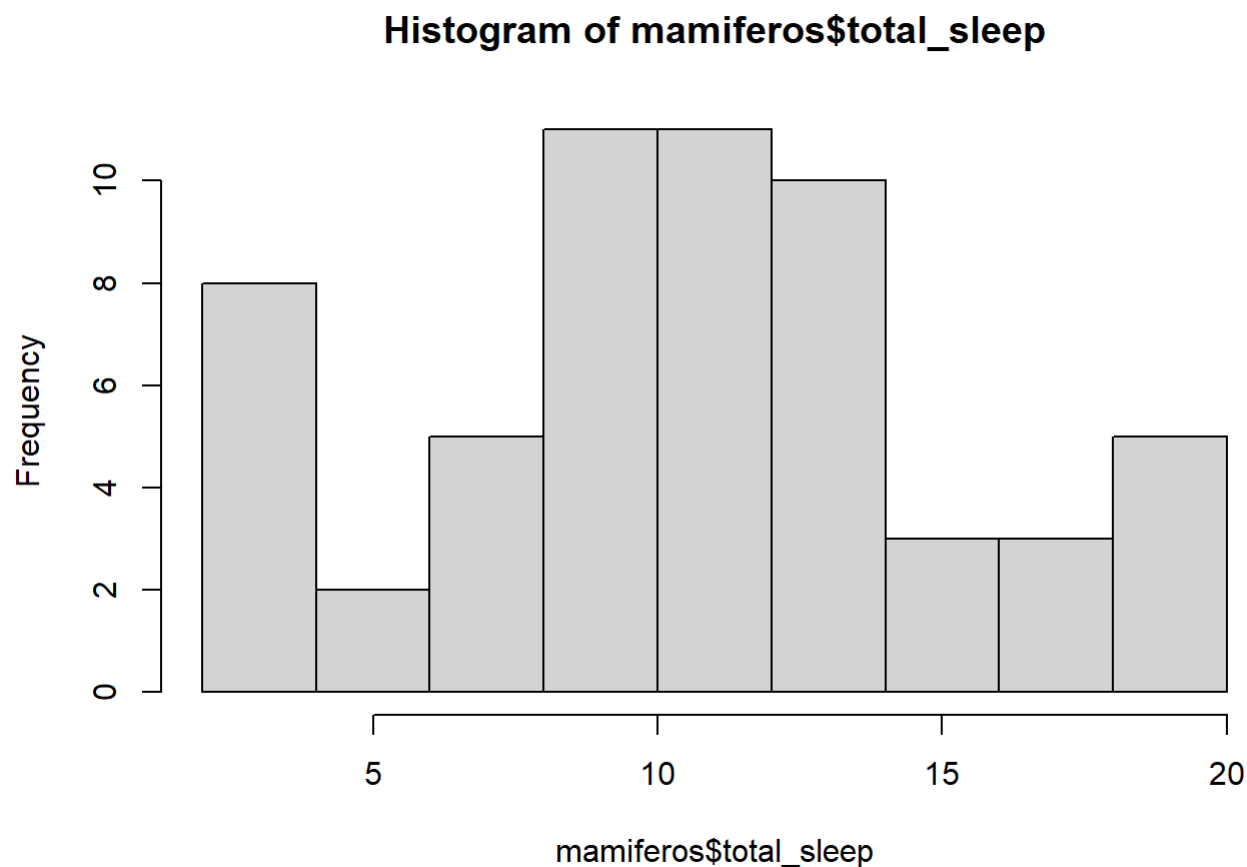
```
mamiferos <- read.csv("https://www.openintro.org/data/csv/mammals.csv")
```

```
head(mamiferos)
```

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

#Por el momento trabajaremos con la variable total_sleep para generar el histograma:

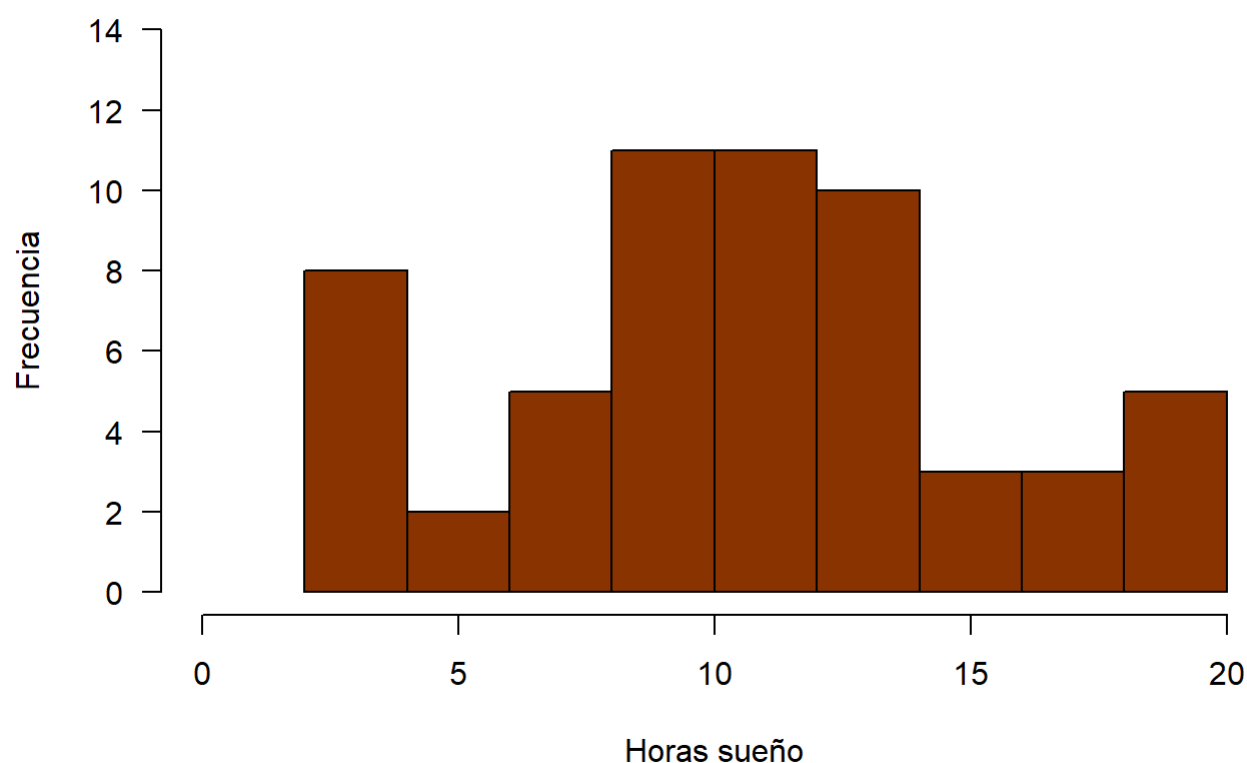
```
hist(mamiferos$total_sleep)
```



dar formato a las histogramas

```
hist(mamiferos$total_sleep, #datos
     xlim = c(0,20), ylim = c(0,14), main = "Total de horas sueño de las 39 especies", #cambiar
     titulo
     xlab = "Horas sueño", #cambiar eje de las x
     ylab = "Frecuencia", #cambiar eje de las y
     las = 1, #cambiar orientacion de y
     col = "#883300") #cambiar color a las barras
```

Total de horas sueño de las 39 especies



#Barplot o grafica de barras

```
data("chickwts")
```

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

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

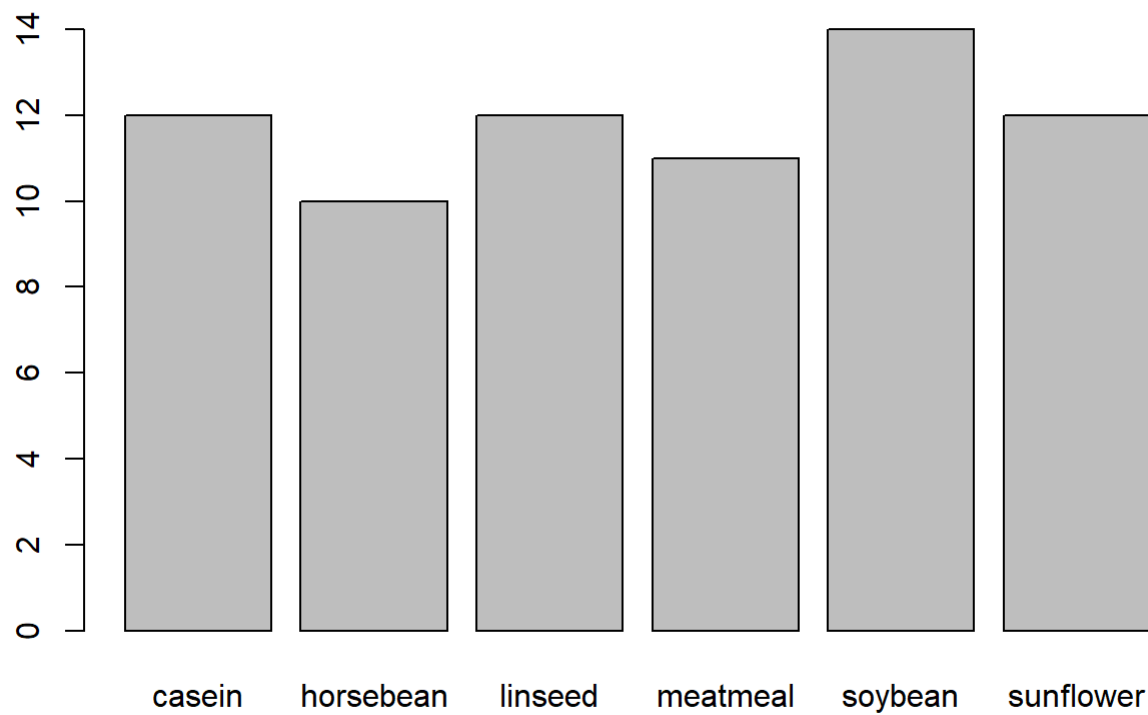
acomodar datos en columnas

```
feeds <- table(chickwts$feed)
feeds
```

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

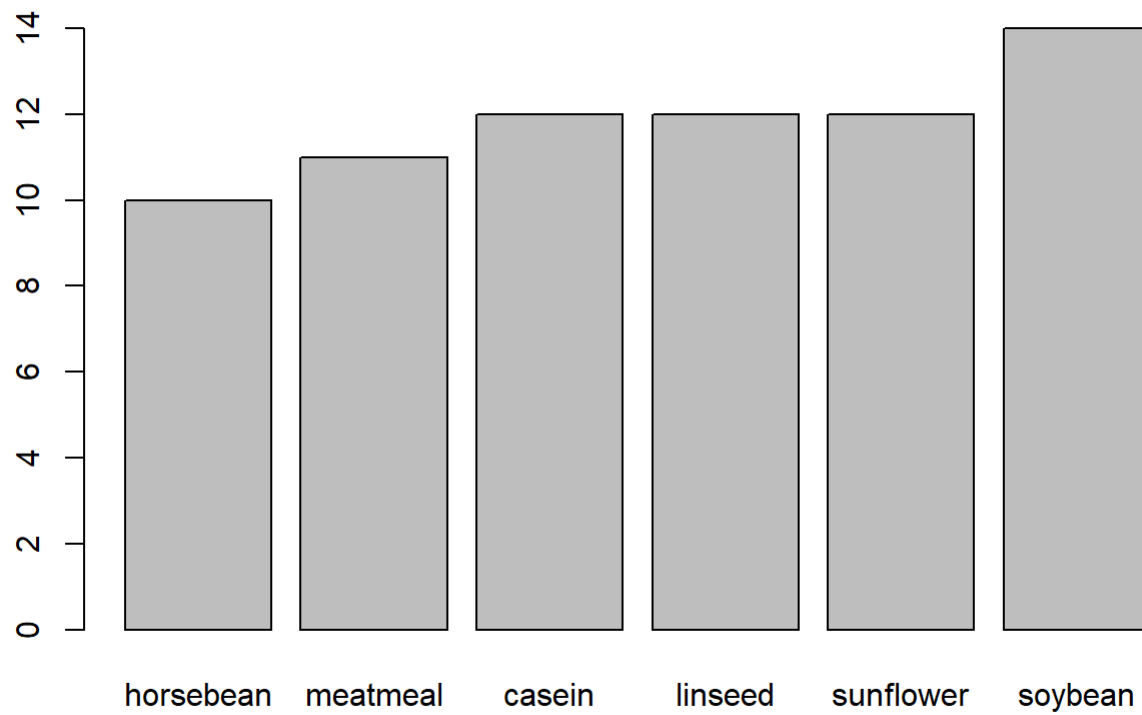


```
barplot(feeds)
```



```
# ordenarla de forma decreciente
```

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



```
#y darle presentacion a la grafica  
barplot(feeds[order(feeds, decreasing = FALSE)], main = "Frecuencias por tipos de  
alimentación",  
        xlab = "Numero de pollos",  
        las=1,  
        col= "yellow",  
        horiz = TRUE)
```

Frecuencias por tipos de alimentación

