# Taller de R básico. Dia 4.

Viacheslav Shalisko

20 de octubre de 2016

# A. Cargar la tabla de datos

Estructura de datos (tabla Datos\_del\_censo.csv):

- 1. Centro código del CU
- 2. Especie nombre científico
- 3. Codigo identificador único del arbol
- 4. AB área basal del árbol (dm<sup>2</sup>)
- 5. DTr diametro del tronco equivalente (cm)
- 6. Alt estatura del árbol (m)
- 7. DCop diametro promedio de la copa (m)
- 8. ExcCop excentricidad de la copa

```
arbolado <- read.csv("Materiales/Datos_del_censo.csv")</pre>
```

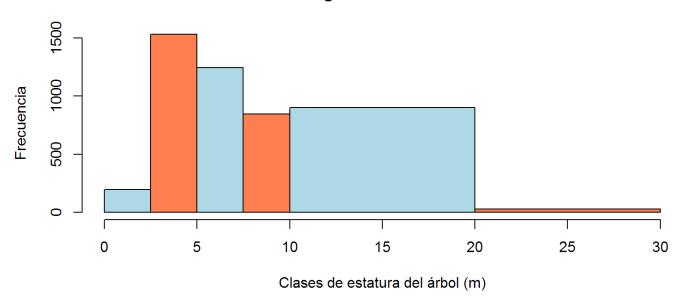
# Partes B. y C. fueron tratados en la sesión anterior.

Continuación

# D. Gráficas simples

### Histogramas

### Histográma de estaturas



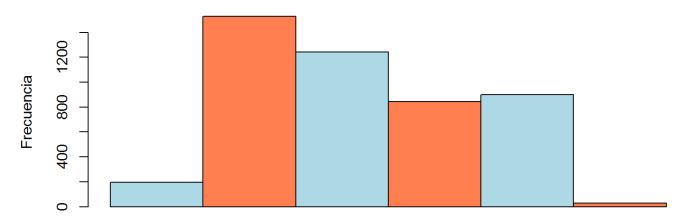
#### str(H0)

```
## List of 6
## $ breaks : num [1:7] 0 2.5 5 7.5 10 20 30
## $ counts : int [1:6] 196 1529 1242 844 900 28
## $ density : num [1:6] 0.0165 0.1291 0.1048 0.0712 0.019 ...
## $ mids : num [1:6] 1.25 3.75 6.25 8.75 15 25
## $ xname : chr "arbolado$Alt"
## $ equidist: logi FALSE
## - attr(*, "class")= chr "histogram"
```

```
barplot(H0$counts, space = 0,
    col = c("lightblue","coral"),
    xlab = "Clases de estatura del árbol (m)", ylab = "Frecuencia",
    main = "Histográma de estaturas")
```

20/10/2016

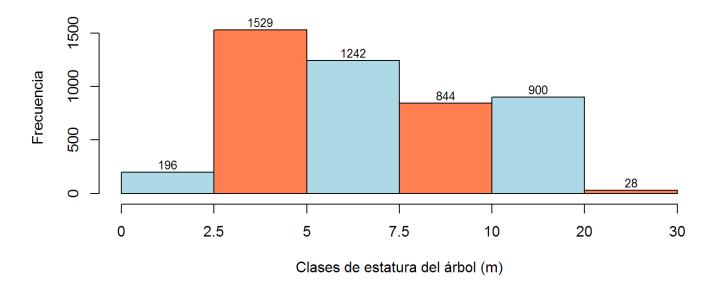
### Histográma de estaturas



#### Clases de estatura del árbol (m)

```
B0 <- barplot(H0$counts, space = 0, ylim = c(-100,1700),
    col = c("lightblue","coral"),
    xlab = "Clases de estatura del árbol (m)", ylab = "Frecuencia",
    main = "Histográma de estaturas")
axis(at = seq(from = 0, to = 6, by = 1),
    labels = c(0,2.5,5,7.5,10,20,30), side = 1)
text(B0, H0$counts + 0.05 * max(H0$counts), labels=round(H0$counts), cex = 0.8)</pre>
```

### Histográma de estaturas



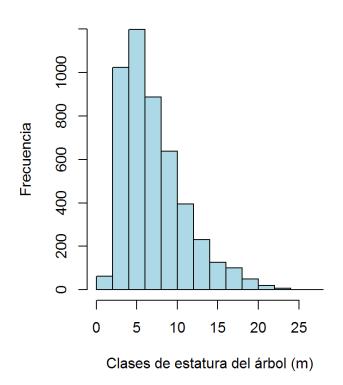
```
par(mfcol = c(1, 2))

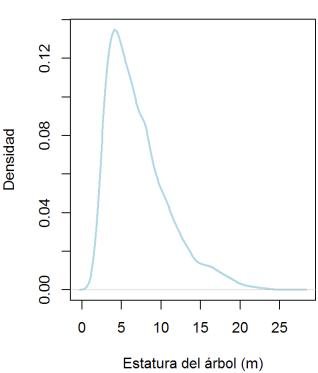
hist(arbolado$Alt,
    col = c("lightblue"),
    xlab = "Clases de estatura del árbol (m)", ylab = "Frecuencia",
    main = "Histográma de estaturas", prob = FALSE)

plot(density(arbolado$Alt, na.rm = TRUE),
    col = c("lightblue"), lty=1, lwd=2,
    xlab = "Estatura del árbol (m)", ylab = "Densidad",
    main = "Distribución de estaturas")
```

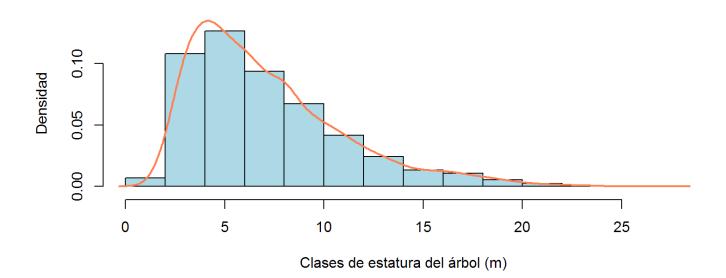
### Histográma de estaturas

# Distribución de estaturas





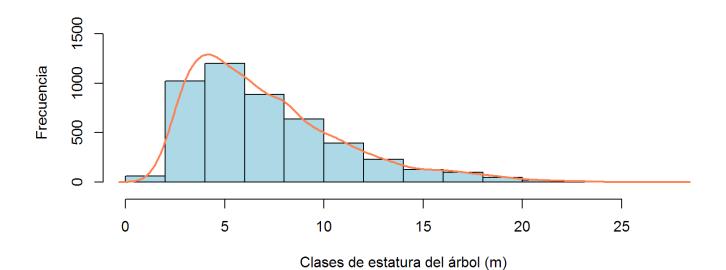
### Histográma de estaturas con gráfica de densidad de distribución



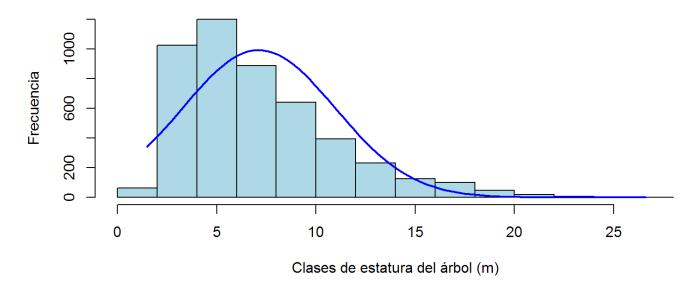
```
H2 <- hist(arbolado$Alt, ylim = c(-100,1700),
        col = c("lightblue"),
        xlab = "Clases de estatura del árbol (m)", ylab = "Frecuencia",
        main = "Histográma de estaturas con gráfica de densidad de distribución", prob = FALSE)

densidad <- density(arbolado$Alt, na.rm = TRUE)
densidad$y <- densidad$y*diff(H2$mids[1:2])*length(arbolado$Alt)
lines(densidad, col = c("coral"), lty=1, lwd=2)</pre>
```

### Histográma de estaturas con gráfica de densidad de distribución



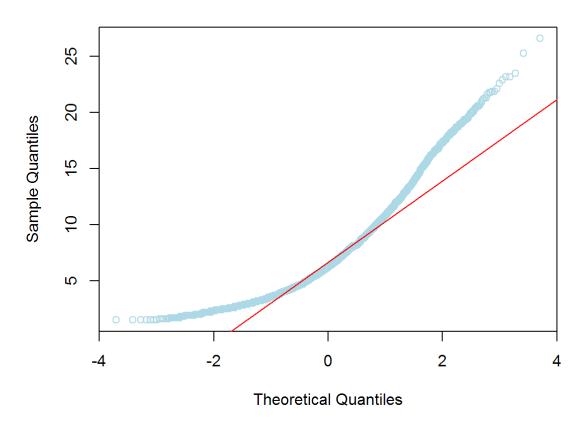
### Histográma de estaturas con gráfica de distribución normal



### Gráficas QQ

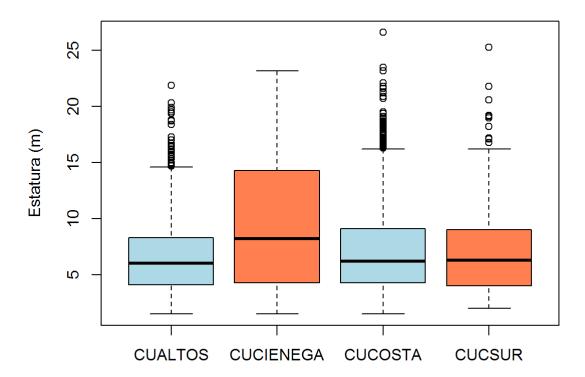
```
qqnorm(arbolado$Alt, col = "lightblue")
qqline(arbolado$Alt, col = "red")
```

# **Normal Q-Q Plot**

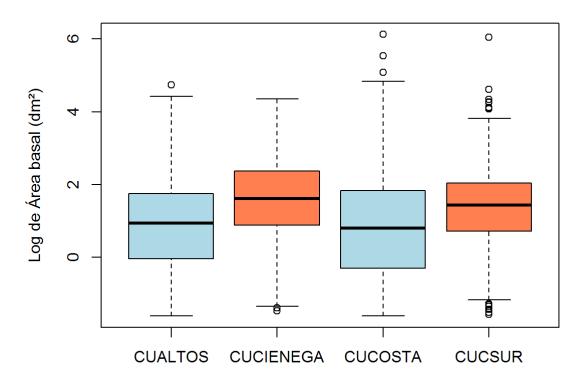


# Gráficas de caja

# Estatura de árboles por centro



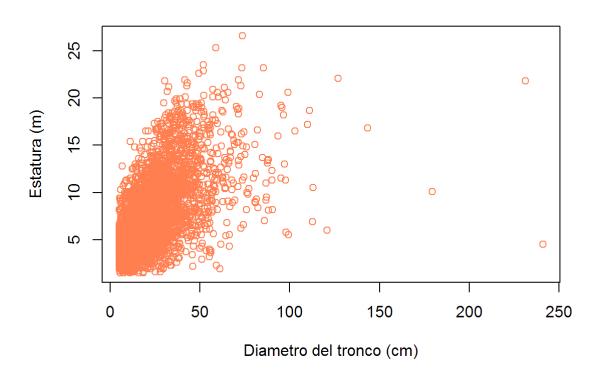
# Área basal de árboles por centro



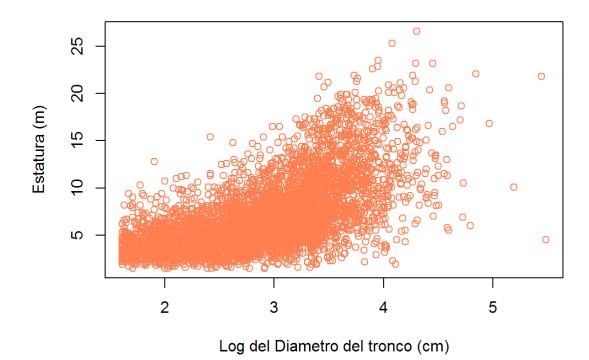
# Gráficas de puntos

20/10/2016

### Estatura de árboles vs. diametro del tronco

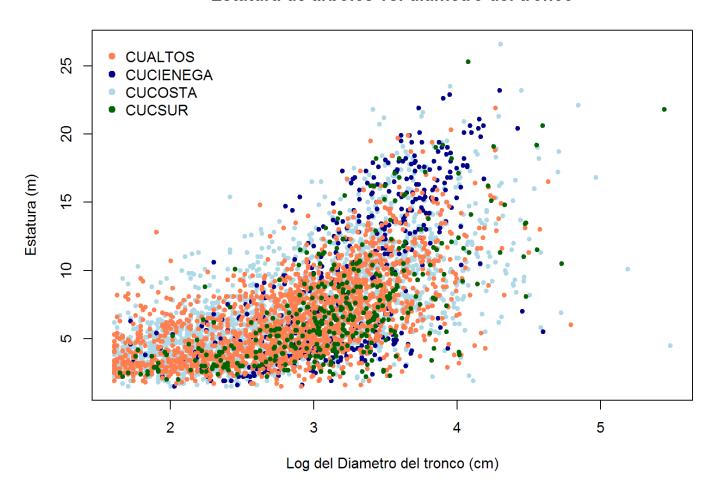


### Estatura de árboles vs. diametro del tronco



Graficas de puntos pueden incluir grupos de datos

#### Estatura de árboles vs. diametro del tronco



# E. Estructuras de control

### **Funciones**

Sintáxis general de definición de las funciones

```
nombre_de_función <- function(variables_de_entrada) {
cuerpo de función donde se usan las variables de entrada y se genera valor de
salida
}
```

Existen la dos formas de definición de las funciones:

- a) en una sola linea
- b) con el bloque encerrado en los símbolos {}

Las funciones pueden ser anónimas o tener el nombre

```
# función para quetar los espacios en principio y al final de una cadena de texto
trim <- function(x) gsub("^\\s+\", "", x)

# función para poner primera letra de una cadena de texto como mayuscula y otras como minusculas
simpleCap <- function(x) {
   paste(toupper(substr(x, 1, 1)), tolower(substr(x, 2, nchar(x))), sep="")
}</pre>
```

Aplicacion de las funciones para depurar nombres de las especies

```
lista_especies <- unique(as.character(arbolado$Especie))
length(lista_especies)</pre>
```

```
## [1] 150
```

```
arbolado$Especie <- sapply(as.character(arbolado$Especie), simpleCap)
arbolado$Especie <- sapply(arbolado$Especie, trim)
lista_depurada_especies <- unique(arbolado$Especie)
arbolado$Especie <- as.factor(arbolado$Especie)
length(lista_depurada_especies)</pre>
```

```
## [1] 144
```

# Elementos de control de flujo de ejecución

- 1. if, else, else if estructuras condicionales
- 2. for ciclos (loops, bucles) con un número predeterminado de iteraciones
- 3. while ciclos con un número indefinido de iteraciones
- 4. repeat ciclos con un número infinito de iteraciones (se usan rara vez, principalmente en elementos de interface de usuario)
- 5. next, return elementos que permiten interrimpir o saltar iteraciones en los ciclos

Sintáxis general de las estructuras condicionales

```
if(condición lógica) {
  código para caso que la condición se cumple
} else {
  código para caso que la condición no se cumple
}
```

Sintáxis general de los ciclos con numero predeterminado de elementos

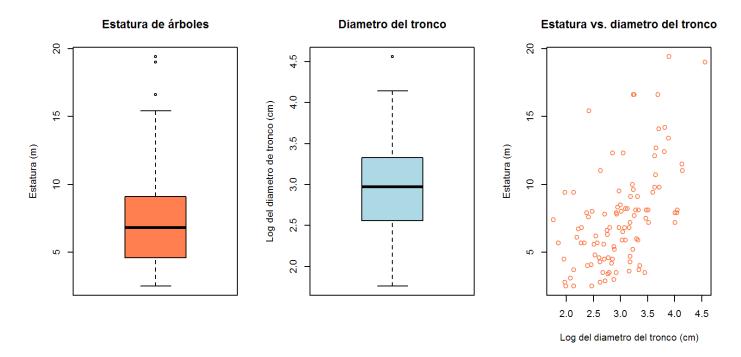
```
for(iterador in rango_de_posibles_valores_del_iterador) {
  código del cuerpo de ciclo, donde se puede utilizar iterador como una variable
}
```

#### Ejemplo:

```
for(i in 1:length(lista_depurada_especies)){
    # seleccionar registros que corresponden a una especie determinada
    tabla_especie <- arbolado[arbolado$Especie == lista_depurada_especies[i],]</pre>
    # verificar que número de árboles de la especie es mayór que 50
    if(dim(tabla especie)[1] > 50) {
       # imprimir nombre de especie y número de árboles
       cat(paste("<h4><i>",lista_depurada_especies[i],"</i></h4>"))
       cat(paste('<code>',"n =",dim(tabla especie)[1],"</code>"))
       # especificar lienzo para tres graficas
       par(mfcol = c(1, 3))
       # dibujar tres gráficas
       boxplot(tabla_especie$Alt,
          col = "coral", main = "Estatura de árboles", ylab = "Estatura (m)")
       boxplot(log(tabla_especie$DTr),
          col = "lightblue", main = "Diametro del tronco", ylab = "Log del diametro de tronco (c
m)")
      plot(tabla especie$Alt ~ log(tabla especie$DTr),
          col = "coral", main = "Estatura vs. diametro del tronco",
          ylab = "Estatura (m)", xlab = "Log del diametro del tronco (cm)")
}
```

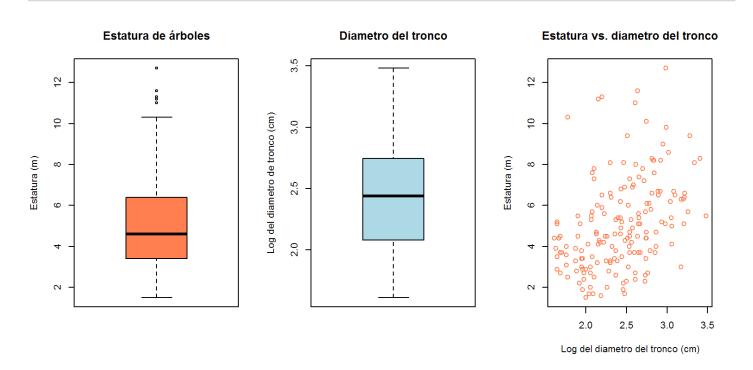
#### Pithecellobium dulce

```
n = 107
```

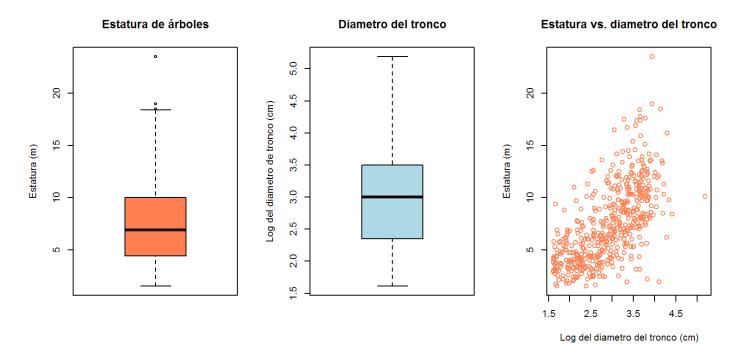


### Acacia macracantha

n = 176

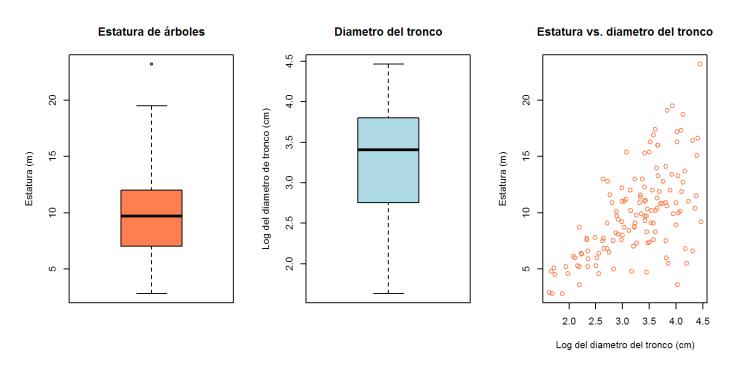


#### Pithecellobium lanceolatum

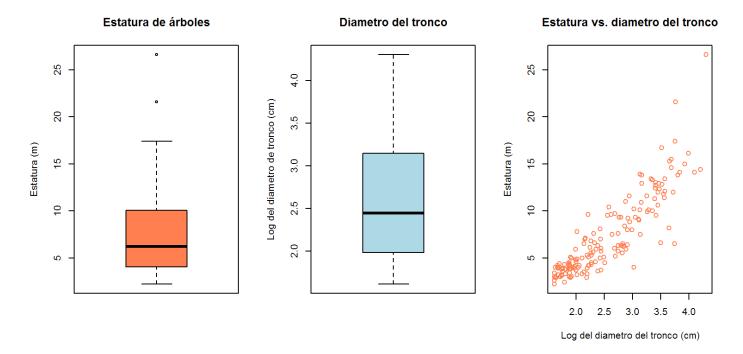


# Salix bonplandiana

n = 139

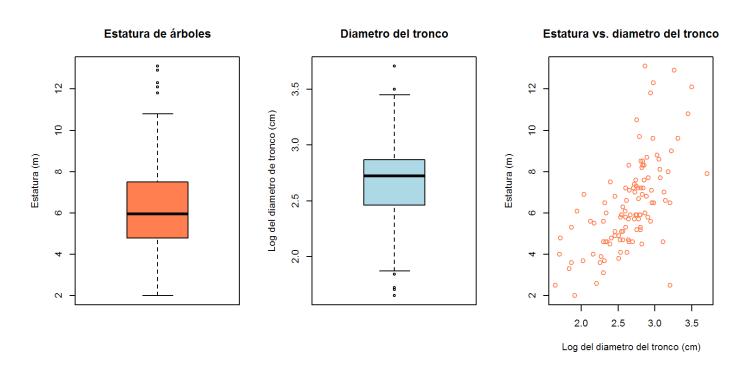


### Tabebuia rosea

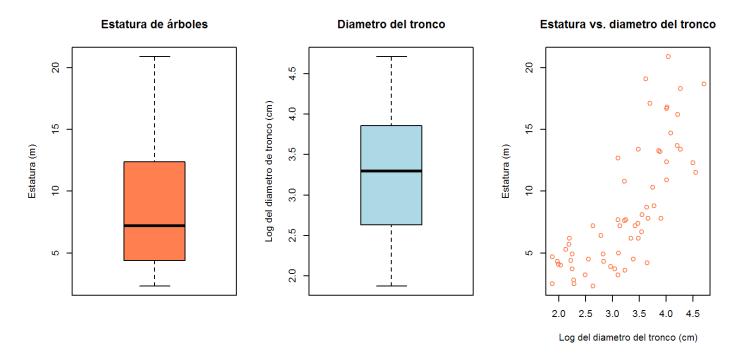


# Terminalia catappa

n = 110

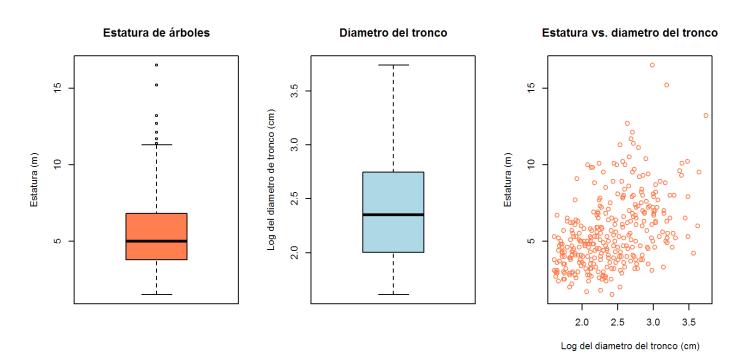


# Enterolobium cyclocarpum

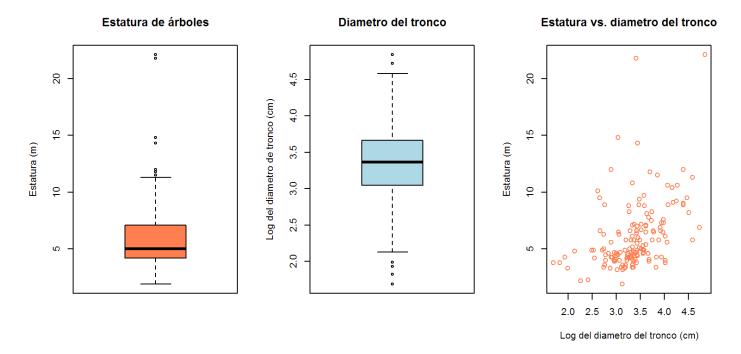


### Guazuma ulmifolia

n = 329

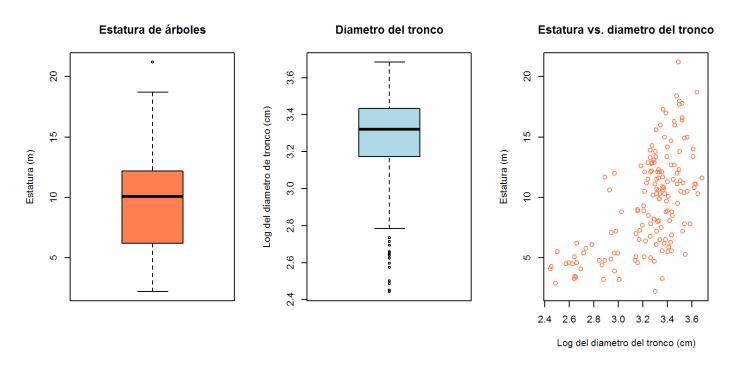


# Ficus benjamina

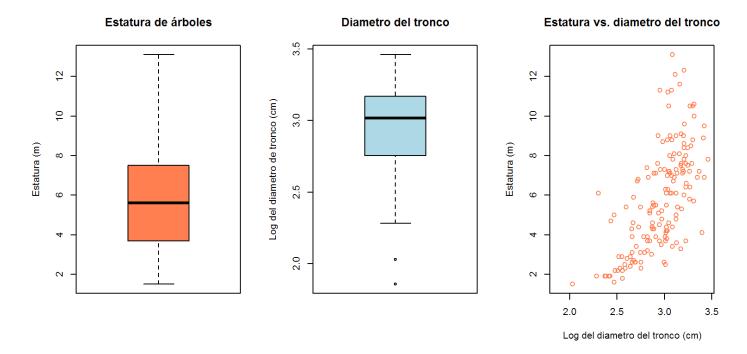


### Cocus nucifera

n = 157

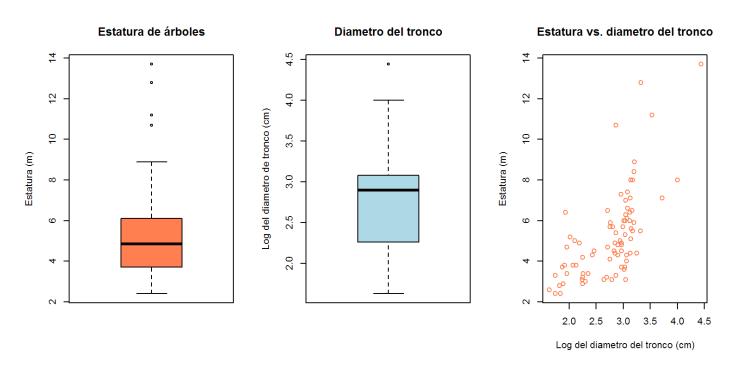


### Arecastrum romanzoffianum

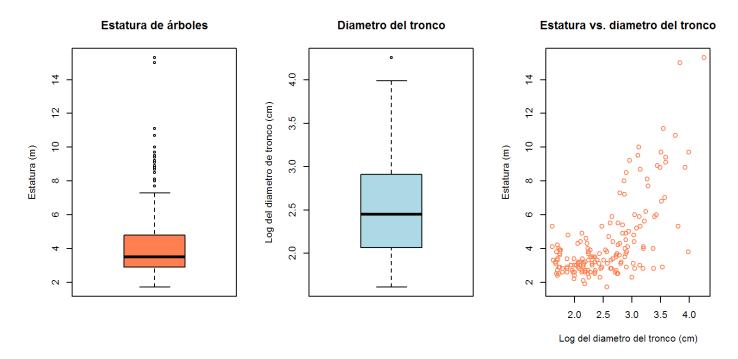


# Dypsis lutescens

n = 82

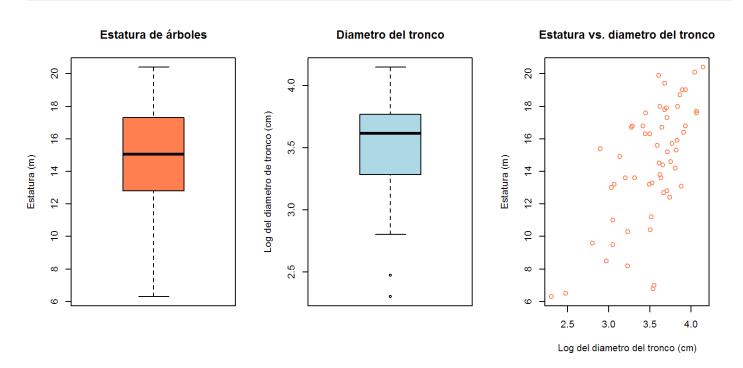


### Acacia farnesiana

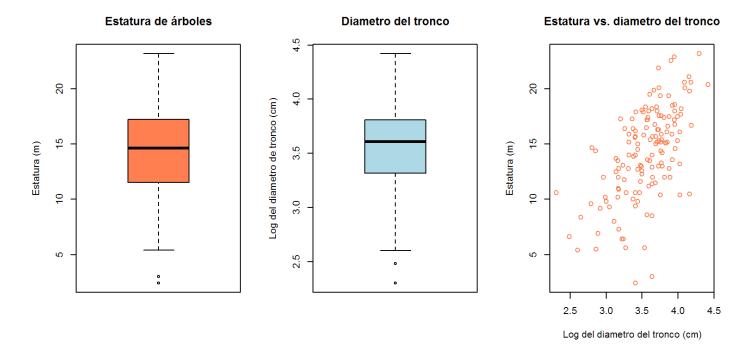


# Eucalyptus camaldulensis

n = 58

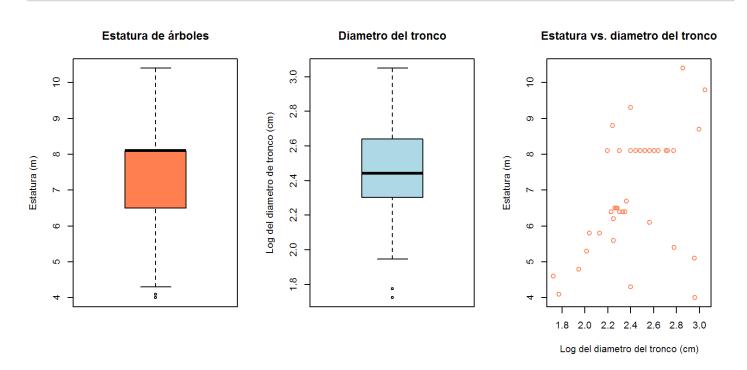


# Casuarina equisetifolia

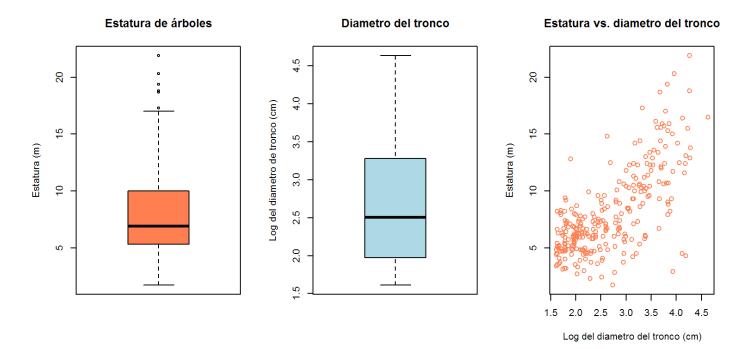


# Cupressus sempervirens

n = 77

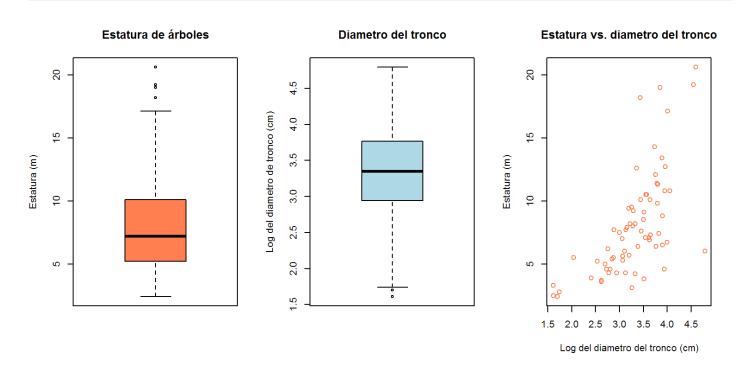


## Fraxinus uhdei

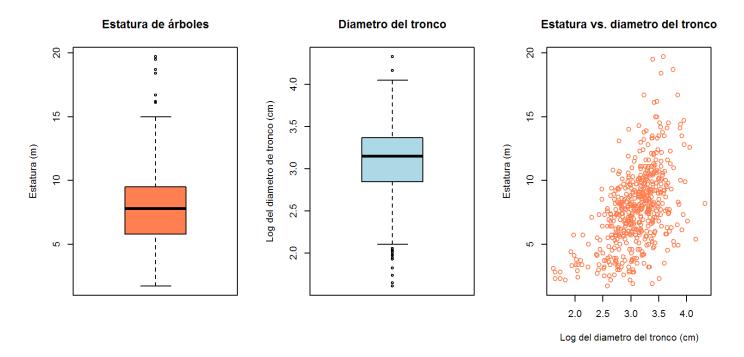


### Jacaranda mimosifolia

n = 70

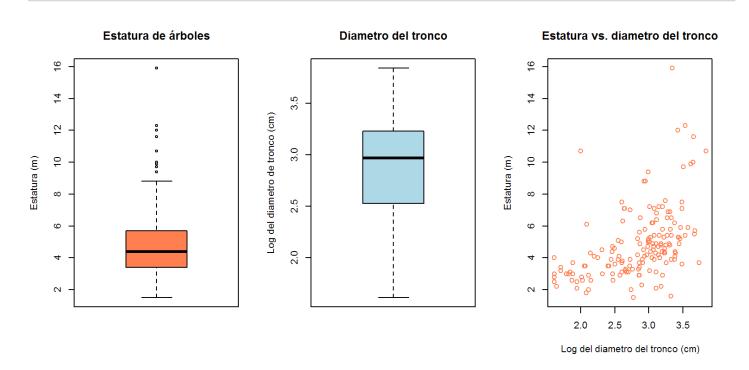


### Quercus resinosa

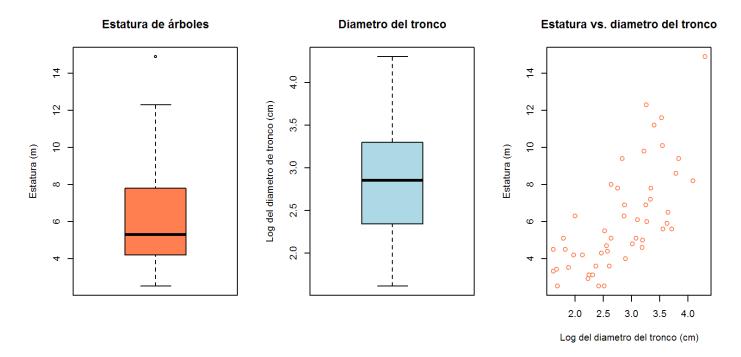


# Acacia pennatula

n = 167

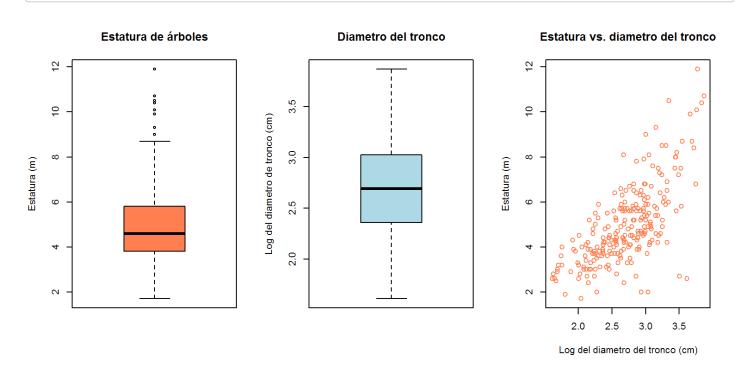


# Lippia umbellata



# Eysenhardtia polystachya

n = 245



## Pinus devoniana

