

# profepa.R

Usuario

2023-03-02

```
#EXTREMA MARCELA PACHECO GOMEZ
#6/2/93/23

#laboratorio semana 3

#importar datos

prof_ur1 <- "http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/7635/1/accionesInspeccionfoamp.csv"

#hacer mas chico el url
profepa <- read.csv(prof_ur1)

prof_ur12<- paste0("http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/",
"file/7635/1/accionesInspeccionfoamp.csv")
profepa2 <- read.csv(prof_ur12)

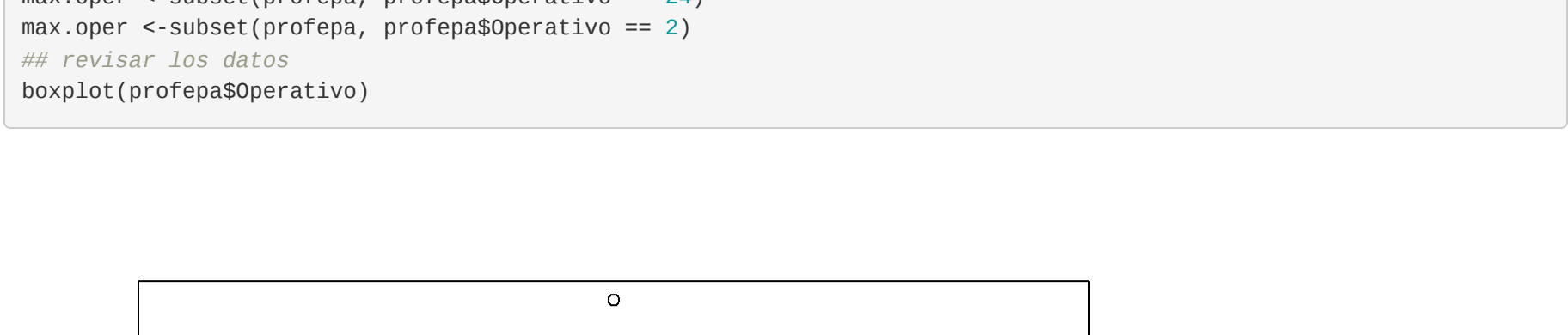
summary(profepa)
```

```
## Entidad            Inspección      Recorrido      Operativo
## length:23          Min.   : 9.0  Min.   : 0.00  Min.   : 0.000
## Class:character    1st Qu.: 1.0  1st Qu.: 2.00  1st Qu.: 0.000
## Mode :character    Median : 3.0  Median : 7.00  Median : 2.000
##          Mean : 16.3    Mean : 20.45  Mean : 2.636
##          3rd Qu.: 16.0  3rd Qu.: 12.00  3rd Qu.: 3.000
##          Max.   :157.0   Max.   :695.00  Max.   :24.000
```

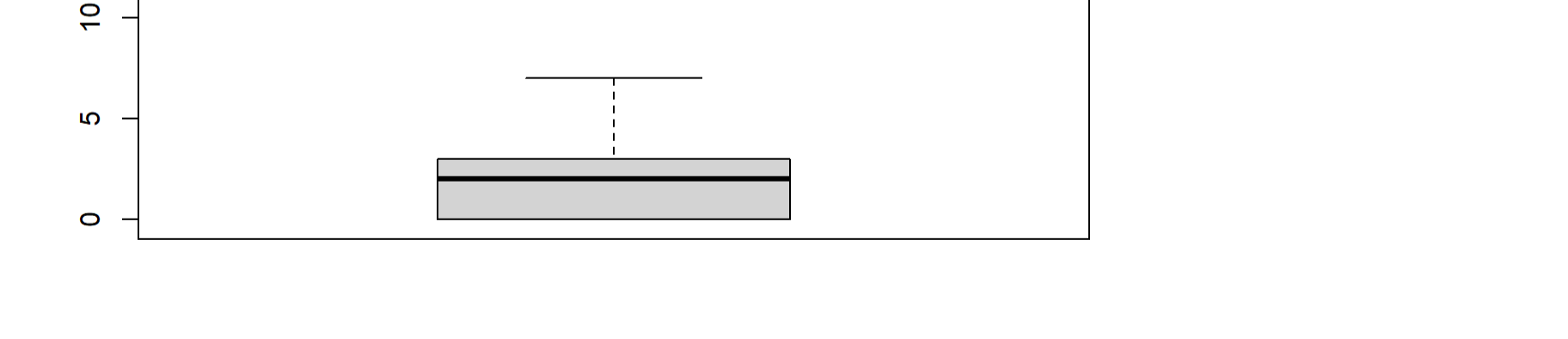
```
#restricciones
# crear tablas con valores específicos
profepa$Operativo == max(profepa$Operativo)
```

```
## [1] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
## [13] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
## [25] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE TRUE
```

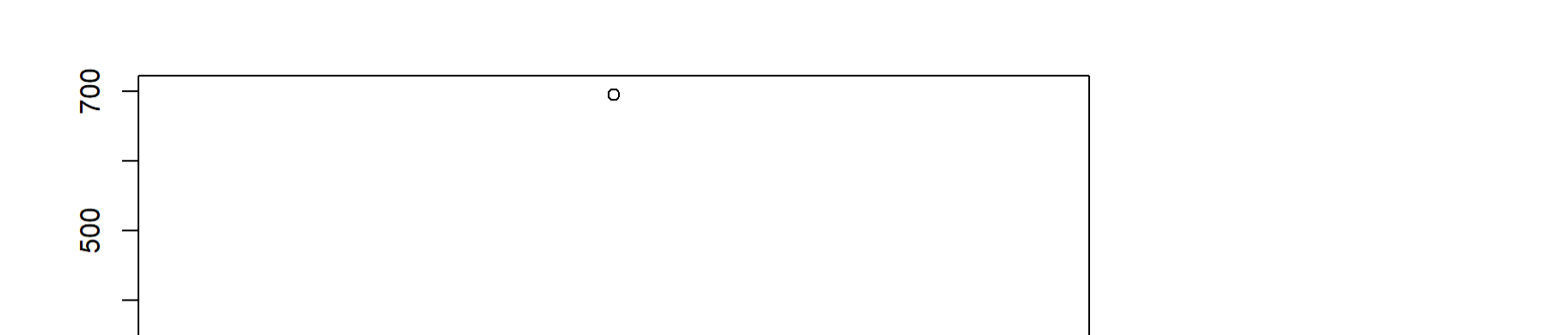
```
max.oper <-subset(profepa, profepa$Operativo == 24)
max.oper <-subset(profepa, profepa$Operativo == 2)
# revisar los datos
boxplot(profepa$Operativo)
```



```
boxplot(profepa$Recorrido)
```



```
prof_soc <- subset(profepa, profepa$Operativo != max(profepa$Operativo))
boxplot(prof_soc$Operativo)
```



```
#DROPBOX
#INSTALAR LIBERIA
library(repnis)

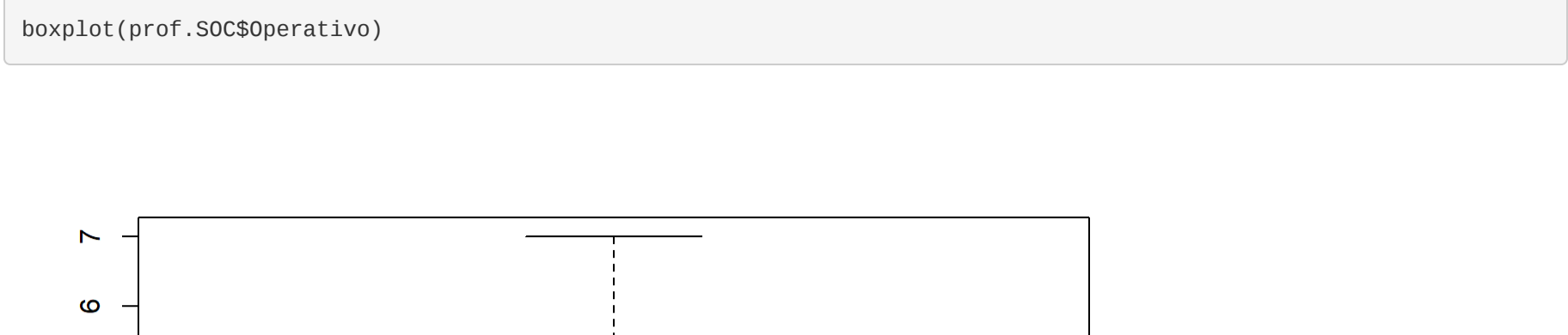
# Warning: package 'repnis' was built under R version 4.1.3

conjunto <- source_data("https://www.dropbox.com/s/hnsf67bbayvv6d3/cuadro1.csv?dl=1")

# Downloading data from: https://www.dropbox.com/s/hnsf67bbayvv6d3/cuadro1.csv?dl=1

# SHA-1 hash of the downloaded data file is:
# 2b0de466f51aa19b0b4a2487180b99349e70a
```

```
#revisar solo diametro
# mostrar como se comporta el diametro
boxplot(conjunto$Diametro)
```

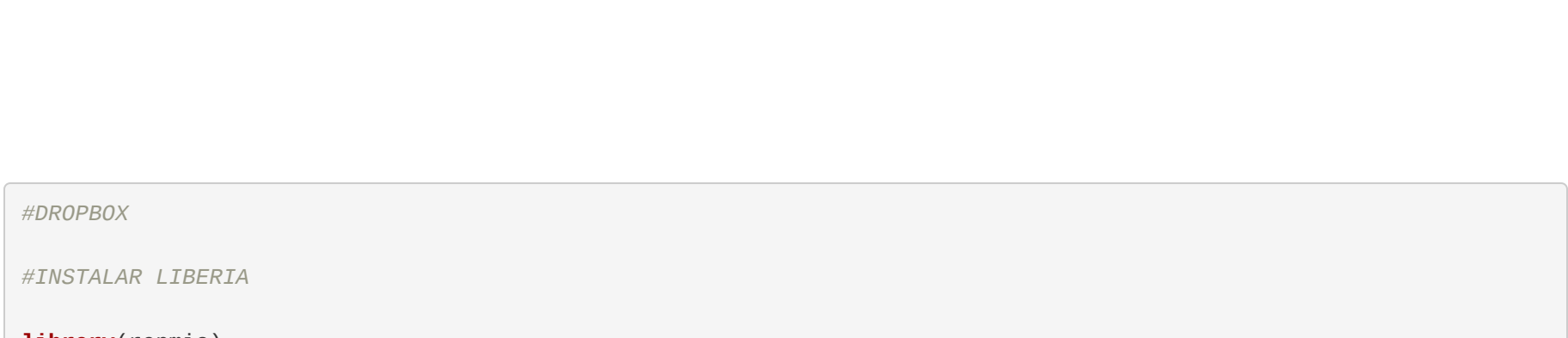


```
#diametro con especie
# cambiar la especie a factor
conjunto$Especie <- as.factor(conjunto$Especie)

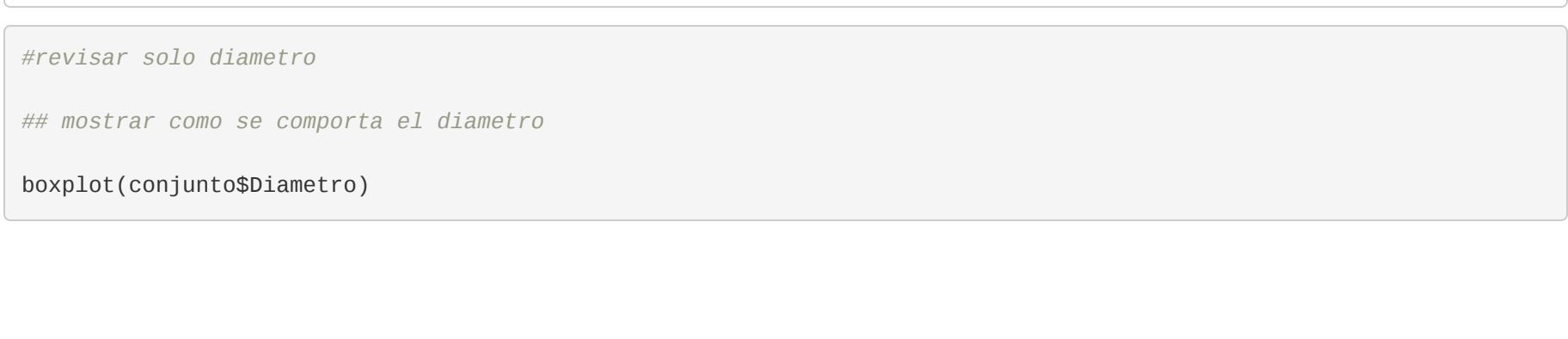
# cambiar clase a factor
conjunto$Clase <- as.factor(conjunto$Clase)

#diametro en base (en funcion) de a la especie

boxplot(conjunto$Diametro ~ conjunto$Especie,
col="pink",
xlab="ESPECIE",
ylab="DIAMETRO",
main="BOSQUE")
```



```
# ESPECIE EN BASE A LA ALTURA
boxplot(conjunto$Altura ~ conjunto$Especie,
col="blue",
xlab="ESPECIE",
ylab="ALTURA",
main="bosque")
```



```
head(conjunto)
```

```
## Arbol Fecha Especie Clase Vecinos Diametro Altura
## 1 1 12 F C 4 15.3 14.79
## 2 2 12 F D 3 17.8 17.97
## 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
```

```
#descargar archivos de github
#ejemplo
library(readr)

# Warning: package 'readr' was built under R version 4.1.3

file <- paste0("https://raw.githubusercontent.com/ngtagle/","202_Analisis_Estadistico_2028/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.
```

```
# el usuario
library(readr)
file <- paste0("https://raw.githubusercontent.com/MarceloPacheco/D_experimental/main/scripts/cuadro1.csv")
inventario_marce <- 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
mean(inventario_marce$Diametro)

## [5] 15.794

sd(inventario$Diametro)

## [1] 3.227817

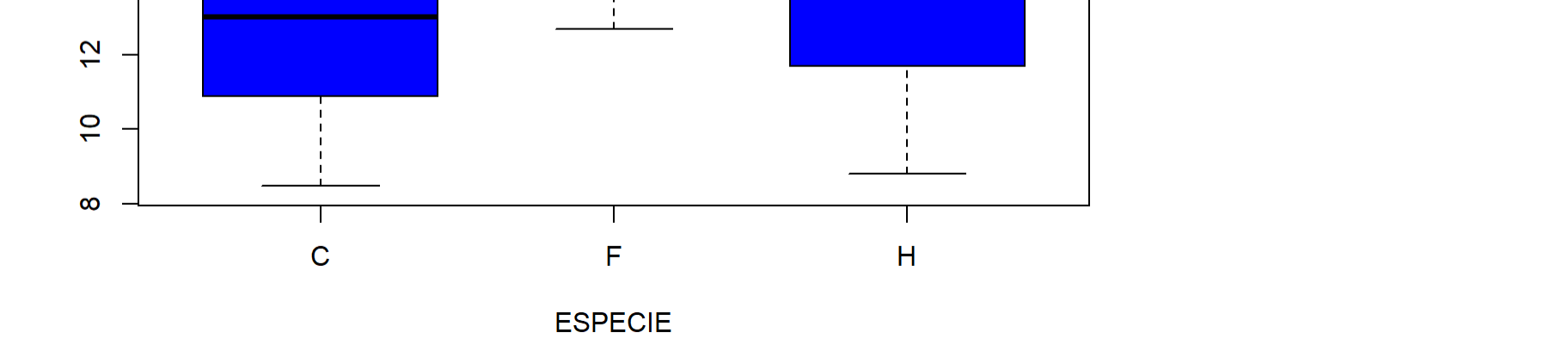
#Selección mediante restricciones
# individuos que tienen un diametro menos a 10 cm
sum(inventario_marce$Diametro<10)

## [1] 3

#funcion which
which(inventario_marce$Diametro < 10)

## [1] 4 47 48

#Excluir los diametros
boxplot(inventario_marce$Diametro)
```



```
inventario_marce$Especie <- as.factor(inventario_marce$Especie)
inventario_marce$Clase <- as.factor(inventario_marce$Clase)

inventario_marce_13 <- inventario_marce[(inventario_marce$Especie=="F"),]
inventario_marce_13
```

```
## # A tibble: 36 x 7
##   Arbol Fecha Especie Clase Vecinos Diametro Altura
##   <dbl> <dbl> <fct>   <fct>   <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 6 10 C I 3 14.1 14.9
## 5 7 10 C C 2 17.1 15.3
## 6 8 12 C D 2 20.6 17.2
## 7 11 8 H D 3 14.2 17.4
## 8 12 5 H D 6 14.8 17.4
## 9 14 5 C I 2 16.7 13.4
## 10 15 12 C S 4 18.9 18.4
## # ... with 26 more rows
```

```
#Selección de una submuestra
inventario_marce_1 <- subset(inventario_marce, Diametro <=10)
head(inventario_marce_1)
```

```
## # A tibble: 3 x 7
##   Arbol Fecha Especie Clase Vecinos Diametro Altura
##   <dbl> <dbl> <fct>   <fct>   <dbl>   <dbl>   <dbl>
## 1 4 9 H S 4 9.7 8.79
## 2 47 24 C S 6 7.7 10
## 3 48 25 C S 5 9.9 8.69
```

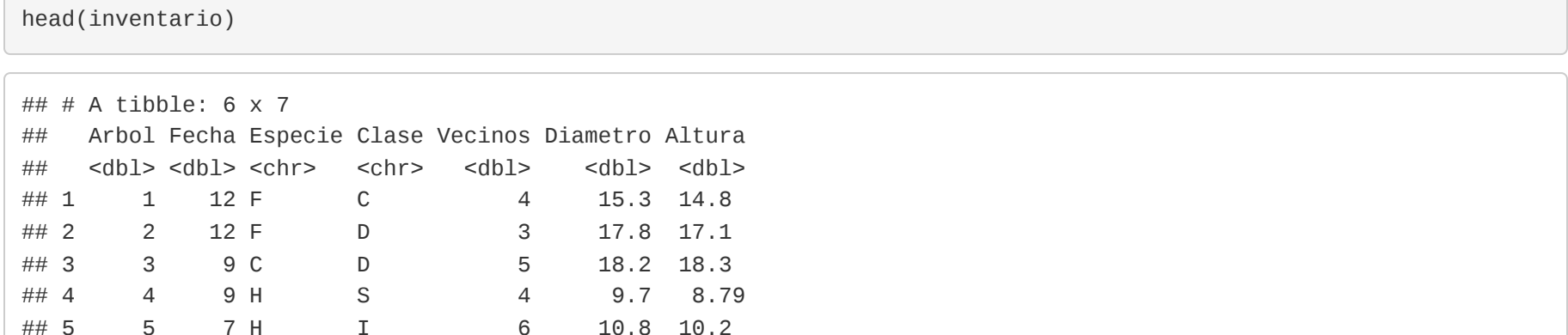
```
mean(inventario_marce$Diametro)

## [1] 15.794

mean(inventario_marce_1$Diametro)

## [1] 9.1

#PARTE 3
#MAMIFEROS
mamiferos <- read.csv("https://www.openintro.org/data/csv/mammals.csv")
hist(mamiferos$total_sleep)
```



```
hist(mamiferos$total_sleep,
xlab=c(0,20), ylim=c(0,14),
main="Total de horas sueño de las 39 especies",
xlab = "Horas sueño",
ylab = "Frecuencia",
las = 1,
col = "orange")
```



```
## 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     200 casein

feeds <- table(chickwts$feed)
feeds

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

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

