El arte de programar en R

Un lenguaje para la estadística

Julio Sergio Santana • Efraín Mateos Farfán

El arte de programar en R: un lenguaje para la estadística

Julio Sergio Santana
Efraín Mateos Farfán

27 de noviembre de 2014

005.1330727 Santana Sepúlveda, Julio Sergio.
S72 *El arte de programa en R: un lenguaje para la estadística* / Julio Sergio Santana Sepúlveda y Efraín Mateos Farfán.. -- México : Instituto Mexicano de Tecnología del Agua. UNESCO. Comité Nacional Mexicano del Programa Hidrológico Internacional, ©2014.
182 p. : il.

ISBN 978- 607-9368-15-9
1. R [Lenguajes de programación] 2. Estadística matemática I. Santana Sepúlveda, Julio Sergio II. Mateos Farfán, Efraín.

Coordinación editorial:
Instituto Mexicano de Tecnología del Agua.

Coordinación de Comunicación,
Participación e Información.

Subcoordinación de Vinculación, Comercialización
y Servicios Editoriales.

Primera edición: 2014.

Ilustración de portada:

Paseo Cuauhnáhuac 8532
62550 Progreso, Jiutepec, Morelos
MÉXICO
www.imta.gob.mx

ISBN: 978- 607-9368-15-9

Índice general

Índice de figuras

Prólogo

El arte de programar en R

Un artista, típicamente un pintor, tiene en sus manos un conjunto de recursos artísticos: materiales y herramentales, que al combinarlos de acuerdo con su sensibilidad y habilidades, transforma en una obra de arte, estéticamente atractiva o repulsiva a sus destinatarios. Aunque esencialmente tecnológica, en el caso de la programación, el programador o programadora juega ese mismo papel: los distintos ambientes de programación ponen delante de él/ella un conjunto de recursos que de acuerdo con sus conocimientos, habilidades y sensibilidades, combinará para producir obras: programas y sistemas, que, en la superficie, serán funcionales o no funcionales; pero que, a un nivel más profundo, podrían también ser juzgadas como estéticamente atractivas o repulsivas. Uno de los factores que más decisivamente influyen en el *cómo* un creador combina los elementos a su mano, es el gusto y la pasión que imprime en su tarea. Por consiguiente, si de la lectura de este texto se logra encender en ti, querida lectora o lector, una pasión que te lleve a producir verdaderas obras de arte, los autores estaremos más que satisfechos por haber cumplido el propósito de esta *pequeña* obra.

.

Capítulo 1

Introducción

1.1. ¿Qué es R?

Si este es tu primer acercamiento a R, es muy probable que te cuestiones sobre la ventaja y la utilidad de R sobre otras paqueterías de estadística; como veremos adelante R es más que eso. La intención de este primer capítulo, es responder algunas dudas y animarte a que explores este *software* poderoso, que puede ser aplicado ampliamente en el procesamiento de datos en ciencias.

Empezaremos diciendo que R es un lenguaje de programación interpretado, de distribución libre, bajo Licencia GNU, y se mantiene en un ambiente para el cómputo estadístico y gráfico. Este *software* corre en distintas plataformas Linux, Windows, MacOS, e incluso en PlayStation 3. El término ambiente pretende caracterizarlo como un sistema totalmente planificado y coherente, en lugar de una acumulación gradual de herramientas muy específicas y poco flexibles, como suele ser con otro *software* de análisis de datos. El hecho que R sea un lenguaje y un sistema, es porque forma parte de la filosofía de creación[1], como lo explica John Chambers (Chambers and Hastie [1991]), cito:

> "*Buscamos que los usuarios puedan iniciar en un entorno interactivo, en el que no se vean, conscientemente, a ellos mismos como programadores. Conforme sus necesidades sean más claras y su complejidad se incremente, deberían gradualmente poder profundizar en la programación, es cuando los aspectos del lenguaje y el sistema se vuelven más importantes*."

Por esta razón, en lugar de pensar de R como un sistema estadístico, es preferible verlo como un ambiente en el que se aplican técnicas estadísticas. Por ejemplo, en este libro nos inclinaremos hacia el lado de la programación (lenguaje) más que tocar los aspectos estadísticos. Esto con la finalidad de ampliar la gamma de aplicaciones en el tratamiento de datos.

[1]Desde la codificación del lenguaje S, lenguaje progenitor de R, como se verá en la sección siguiente.

1.2. Historia de R y S

R fue creado en 1992 en Nueva Zelanda por Ross Ihaka y Robert Gentleman (Ihaka [1998]). La intención inicial con R, era hacer un lenguaje didáctico, para ser utilizado en el curso de Introducción a la Estadística de la Universidad de Nueva Zelanda. Para ello decidieron adoptar la sintaxis del lenguaje S desarrollado por Bell Laboratories. Como consecuencia, la sintaxis es similar al lenguaje S, pero la semántica, que aparentemente es parecida a la de S, en realidad es sensiblemente diferente, sobre todo en los detalles un poco más profundos de la programación.

A modo de broma Ross y Robert, comienzan a llamar "R" al lenguaje que implementaron, por las iniciales de sus nombres, y desde entonces así se le conoce en la muy extendida comunidad amante de dicho lenguaje. Debido a que R es una evolución de S, a continuación daremos una breve reseña histórica de este lenguaje, para entender los fundamentos y alcances de R.

S es un lenguaje que fue desarrollado por John Chambers y colaboradores en Laboratorios Bell (AT&T), actualmente Lucent Tecnologies, en 1976. Este lenguaje, originalmente fue codificado e implementado como unas bibliotecas de FORTRAN. Por razones de eficiencia, en 1988 S fue reescrito en lenguaje C, dando origen al sistema estadístico S, Versión 3. Con la finalidad de impulsar comercialmente a S, Bell Laboratories dio a StatSci (ahora Insightful Corporation) en 1993, una licencia exclusiva para desarrollar y vender el lenguaje S. En 1998, S ganó el premio de la *Association for Computing Machinery* a los Sistemas de *Software*, y se liberó la versión 4, la cual es prácticamente la versión actual.

El éxito de S fue tal que, en 2004 *Insghtful* decide comprar el lenguaje a *Lucent* (*Bell Laboratories*) por la suma de 2 millones de dólares, convirtiéndose hasta la fecha en el dueño. Desde entonces, *Insightful* vende su implementación del lenguaje S bajo el nombre de S-PLUS, donde le añade un ambiente gráfico amigable. En el año 2008, TIBCO compra *Insightful* por 25 millones de dólares y se continúa vendiendo S-PLUS, sin modificaciones. R, que define su sintaxis a partir de esa versión de S, no ha sufrido en lo fundamental ningún cambio dramático desde 1998.

Regresemos ahora al lenguaje que nos ocupa: R. Luego de la creación de R (en 1992), se da un primer anuncio al público del software R en 1993. En el año de 1995 Martin Mächler, de la Escuela Politécnica Federal de Zúrich, convence a Ross y Robert a usar la Licencia GNU para hacer de R un software libre. Como consecuencia, a partir de 1997, R forma parte del proyecto GNU.

Con el propósito de crear algún tipo de soporte para el lenguaje, en 1996 se crea una lista pública de correos; sin embargo debido al gran éxito de R, los creadores fueron rebasados por la continua llegada de correos. Por esta razón, se vieron en la necesidad de crear, en 1997, dos listas de correos, a saber: R-help y R-devel, que son las que actualmente funcionan para responder las diversas dudas que los usuarios proponen en muy diversos asuntos relativos al lenguaje. Además se consolida el grupo núcleo de R,donde se involucran personas asociadas con S-PLUS, con la finalidad de administrar el código fuente de R.

Fue hasta febrero de 29 del 2000, que se considera al software completo y lo

suficientemente estable, para liberar la versión 1.0.

Más información acerca de la historia de este lenguaje se puede obtener en Ihaka [1998].

1.3. Formato del código en el texto

Con el propósito de facilitar la lectura del presente texto, el código del lenguaje se diferencía en párrafos especiales, que han sido construidos con la ayuda del *software* knitr, gentilmente creado por Xie [2013][2]. A continuación se muestra un fragmento de código con las explicaciones correspondientes.

```
# Este es un comentario; en R los comentarios empiezan
# a partir del caracter '#'.
# --------------------
# En seguida asignaremos mediante código de R el valor 2014 a una
# variable llamada 'x':
x <- 2014
# Ahora se imprimirá el valor de la variable dos veces, la primera
# vez se hará de manera explícita por medio de la función print(),
# como sigue:

print(x)

## [1] 2014

# ... en seguida se imprimirá de manera implícita, simplemente
# 'tecleándola' en la consola:

x

## [1] 2014

# Finalmente haremos una multiplicación de x por 2

2*x

## [1] 4028

# Notemos que las impresiones o resultados de estas operaciones
# aparecen como comentarios, pero iniciados con '##' y con
# una tipografía diferente que los comentarios usuales.
```

[2]La fuente de su trabajo se puede encontrar en http://yihui.name/knitr/ y en http://cran.r-project.org/web/packages/knitr/index.html.

1.4. Algunas características importantes de R

El sistema R esta dividido en dos partes conceptuales: 1) El sistema base de R, que es el que puedes bajar de CRAN[3]; y, 2) en todo lo demás. La funcionalidad de R consta de paquetes modulares. El sistema base de R contiene el paquete básico que se requiere para su ejecución y la mayoría de las funciones fundamentales. Los otros paquetes contenidos en la "base" del sistema incluye a ***utils***, ***stats, datasets, graphics, grDevices, grid, tools, parallel, compiler, splines, tcltk, stats4***.

La capacidad de gráficos de R es muy sofisticada y mejor que la de la mayoría de los paquetes estadísticos. R cuenta con varios paquetes gráficos especializados, por ejemplo, hay paquetería para graficar, crear y manejar los *shapefiles*[4], para hacer contornos sobre mapas en distintas proyecciones, graficado de vectores, contornos, etc. También existen paqueterías que permiten manipular y crear datos en distintos formatos como netCDF, Matlab, Excel entre otros. Cabe señalar que, además del paquete base de R, existen más de 4000 paquetes en CRAN (http://cran.r-project.org), que han sido desarrollados por usuarios y programadores alrededor del mundo, esto sin contar los paquetes disponibles en redes personales.

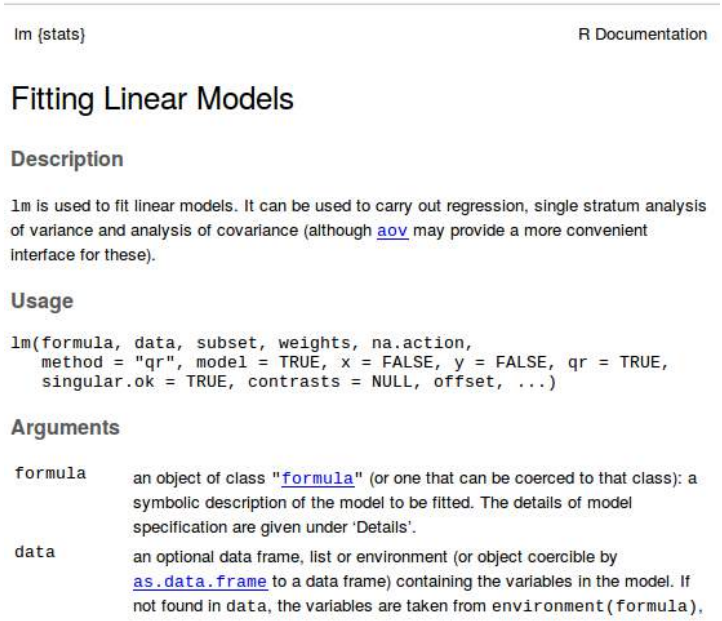
R es muy útil para el trabajo interactivo, pero también es un poderoso lenguaje de programación para el desarrollo de nuevas herramientas, por ejemplo rclimdex, cliMTA-R, etc. Otra ventaja muy importante es que tiene una comunidad muy activa, por lo que, haciendo las preguntas correctas rápidamente encontrarás la solución a los problemas que se te presenten en el ámbito de la programación con R. Estas características han promovido que el número de sus usuarios en el área de las ciencias se incremente enormemente.

Al ser *software* libre lo hace un lenguaje atractivo, debido a que no hay que preocuparse por licencias y cuenta con la libertad que garantiza GNU. Es decir con R se tiene la libertad de: 1) correrlo para cualquier propósito, 2) estudiar como trabaja el programa y adaptarlo a sus necesidades, pues se tiene acceso al código fuente, 3) redistribuir copias, y 4) mejorar el programa y liberar sus mejoras al público en general.

Es importante mencionar que, debido a su estructura, R consume mucho recurso de memoria, por lo tanto si se utilizan datos de tamaño enorme, el programa se alentaría o, en el peor de los casos, no podría procesarlos. En la mayoría de los casos, sin embargo, los problemas que pudieran surgir con referencia a la lentitud en la ejecución del código, tienen solución, principalmente teniendo cuidado de vectorizar el código; ya que esto permitiría particionarlo y aprovechar en procesamiento paralelo en equipos con multi-núcleos.

[3]Por sus siglas en inglés: *The Comprehensive R Archive Network*. Su página *Web* es: http://cran.r-project.org/.

[4]Formato común de sistemas de información geográfica (GIS), introducido por la compañía ESRI en su sistema de *software* comercial ArcGIS.



lm {stats} R Documentation

Fitting Linear Models

Description

lm is used to fit linear models. It can be used to carry out regression, single stratum analysis of variance and analysis of covariance (although aov may provide a more convenient interface for these).

Usage

```
lm(formula, data, subset, weights, na.action,
   method = "qr", model = TRUE, x = FALSE, y = FALSE, qr = TRUE,
   singular.ok = TRUE, contrasts = NULL, offset, ...)
```

Arguments

formula	an object of class "formula" (or one that can be coerced to that class): a symbolic description of the model to be fitted. The details of model specification are given under 'Details'.
data	an optional data frame, list or environment (or object coercible by as.data.frame to a data frame) containing the variables in the model. If not found in data, the variables are taken from environment(formula),

Figura 1.1: El sistema de ayuda del lenguaje R

1.5. Ayuda en R

R cuenta con una muy buena ayuda en el uso de funciones de manera muy similar al *man* de UNIX. para obtener información de cualquier función en específico, por ejemplo *lm,* el comando es:

```
help(lm)

# Una forma abreviada sería

?lm # -- comentario
```

El código anterior, muestra dos formas de invocar la ayuda en el intérprete de R, la función `help()` y el operador `'?'`. En ambos casos el resultado es el mismo. Un fragmento de la salida de ayuda que ofrece el sistema para ese tema (`lm`) se muestra en la Fig. 1.1. Aparte de esto, el lenguaje omite interpretar, en un renglón, cualquier texto que siga al símbolo `'#'`; esta es la provisión del lenguaje para incorporar comentarios en el código.

Cuando se desea información sobre caracteres especiales de R, el argumento se debe encerrar entre comillas sencillas o dobles, con la finalidad que lo identifique como una cadena de caracteres. Esto también es necesario hacer para unas cuantas palabras con significado sintáctico incluyendo al `if`, `for`, y `function`. Por ejemplo:

```
help("[[")

help('if')
```

Por otra parte, el sistema puede mostrar un listado de contenidos acerca de algún tópico cualquiera invocando la función `help.search()`, que abreviadamente se invoca con `??`. Por ejemplo, si se desea saber acerca del tópico *split*, lo que puede incluir, funciones, paquetes, variables, etc., se hace de la siguiente manera:

```
help.search("split")

# O abreviadamente:
??"split"
```

Además de esto, existen foros muy activos en diversos temas de R (*Mailing Lists*), donde seguramente podrás encontrar las respuestas apropiadas. La dirección de esos foros la puedes se encontrar en http://www.r-project.org[5].

[5]Una interfaz en la *Web* al grupo básico de R, conocido como *R-help*, se puede encontrar en http://dir.gmane.org/gmane.comp.lang.r.general.

Capítulo 2

Los datos y sus tipos

Todas las cosas que manipula R se llaman objetos. En general, éstos se construyen a partir de objetos más simples. De esta manera, se llega a los objetos más simples que son de cinco clases a las que se denomina *atómicas* y que son las siguientes:

- `character` (cadenas de caracteres)
- `numeric` (números reales)
- `integer` (números enteros)
- `complex` (números complejos)
- `logical` (lógicos o booleanos, que sólo toman los valores True o False)

En el lenguaje, sin embargo, cada uno de estas clases de datos no se encuentran ni se manejan de manera aislada, sino encapsulados dentro de la clase de objeto más básica del lenguaje: el `vector`. Un `vector` puede contener cero o más objetos, pero todos de la misma clase. En contraste, la clase denominada `list`, permite componer objetos también como una secuencia de otros objetos, pero, a diferencia del `vector`, cada uno de sus componentes puede ser de una clase distinta.

2.1. Los datos numéricos

Probablemente el principal uso de R es la manipulación de datos numéricos. El lenguaje agrupa estos datos en tres categorías, a saber: `numeric, integer` y `complex`, pero cuando se introduce algo que puede interpretar como un número, su inclinación es tratarlo como un dato de tipo `numeric`, es decir, un número de tipo real, a no ser que explícitamente se indique otra cosa. Veamos algunos ejemplos:

```
x <- 2  # Se asigna el valor 2 a x
print(x)  # Se imprime el valor de x

## [1] 2

class(x)  # Muestra cuál es la clase de x

## [1] "numeric"

x <- 6/2  # Se asigna el valor de la operación dividir 6/2 a x
print(x)

## [1] 3

class(x)

## [1] "numeric"
```

Aparentemente las dos asignaciones que se hacen, mediante el operador de asignación, `<-`, a la *variable* `x`, es de los enteros 2 y 3 respectivamente. Sin embargo, al preguntar, mediante la *función* `class()`, cuál es la clase de `x`, la respuesta es `numeric`, esto es, un número real. Para asignar explícitamente un entero, `integer`, a una variable, se agrega la letra L al final del número, como sigue:

```
x <- 23L; print(x)

## [1] 23

class(x)

## [1] "integer"
```

Aquí la variable `x` tendrá como valor el entero 23. Como una nota adicional del lenguaje, nótese que se han escrito dos expresiones de R en un mismo renglón. En este caso, las expresiones se separan mediante ';'.

Para lograr que una expresión, como la operación de división `6/2`, arroje como resultado un entero, se tiene que hacer una *conversión*; ello se logra mediante la función `as.integer`, como sigue:

```
x <- as.integer(6/2); print(x)

## [1] 3

class(x)

## [1] "integer"
```

Por su parte, los números complejos, `complex` en el lenguaje, tienen una sintaxis muy particular; misma que se tiene que emplear para indicar explícitamente que un número introducido corresponde a ese tipo:

```
x <- 21 + 2i
y <- 2i + 21 # El mismo valor que x
z <- -1 + 0i # Corresponde a -1
tt <- sqrt(z) # raíz cuadrada de -1
print(x); print(y); print(z); print(tt)

## [1] 21+2i
## [1] 21+2i
## [1] -1+0i
## [1] 0+1i

class(tt)

## [1] "complex"
```

En los ejemplos anteriores a la variable `tt` se le asigna el resultado de una función, `sqrt()`, que es la raíz cuadrada de el número `-1`. Nótese que ésta es la forma correcta de calcular esa raíz, por ejemplo, `sqrt(-1)`, hubiera arrojado como resultado un error.

También, existe un valor numérico especial, `Inf`, que representa el infinito y que puede resultar en algunas expresiones, por ejemplo:

```
x <- 1/0  # División por cero
x

## [1] Inf

# Tambien dividir un número por Inf da cero:
y <- 1/Inf
y

## [1] 0
```

Finalmente, algunas operaciones pueden resultar en algo que no es un número, esto se representa por el valor `NaN`. Veamos un ejemplo:

```
x <- 0/0
x

## [1] NaN
```

2.2. Vectores

Se ha dicho con anterioridad que las clases atómicas de datos no se manejan de manera individual. En efecto, en todos los ejemplos anteriores, el lenguaje ha creado implícitamente vectores de longitud 1, y son esos los que se han asignado a las variables. Tomemos el caso más sencillo:

```
x <- 2  # Se asigna el valor 2 a x
print(x)  # Se imprime el valor de x

## [1] 2
```

Aquí, la impresión del valor de `x` tiene una forma muy particular: "`[1] 2`". El '`[1]`' que precede al valor, indica que se trata del primer elemento y único, en este caso, del vector que se muestra.

Hay diversas maneras de crear vectores de otras longitudes, que, como se ha dicho antes, son secuencias de objetos de la misma clase atómica. En las siguientes secciones se verán algunos casos.

2.2.1. El uso de la función `c()` para crear vectores

La primer manera de crear vectores es a partir de los elementos individuales que compondrán el vector. Para esto se utiliza la función `c()` como se muestra a continuación.

```
c(4,2,-8)  # Creación de un vector sin asignarlo a una variable

## [1]  4  2 -8

## -----------------
## Distintas formas de asignar un vector a una variable
u <- c(4,2,-8) # Usando el operador <-
c(4, 2, -8) -> v # Usando el operador ->
# Usando la función assign:
assign("w", c(4, 2, -8))
p = c(4, 2, -8) # Usando el operador =
print(u); print(v); print(w); print(p)

## [1]  4  2 -8
## [1]  4  2 -8
## [1]  4  2 -8
## [1]  4  2 -8
```

La función `c()` sirve para concatenar varios elementos del mismo tipo. En todos los ejemplos mostrados, la impresión del vector se hace en un renglón que comienza con el símbolo '`[1]`', indicando con ello que el primer elemento del renglón corresponde al primer elemento del vector.

Un caso muy particular de asignación, es el de la función `assign()`. A diferencia de los otros casos vistos en el ejemplo anterior, el nombre de la variable aparece entre comillas.

Más adelante, en la página 20, se verá como la función `c()` también se puede utilizar para la creación de vectores a partir de otros vectores.

2.2.2. Creación de vectores a partir de archivos de texto - la función `scan()`

Otra manera de crear un vector es a partir de un archivo de texto. Sea, por ejemplo, el caso del archivo UnVec.txt, que se contiene la siguiente información:

```
  12 15.5 3.1
  -2.2 0 0.0007
```

Supóngase ahora que a partir de esos datos se quiere crear un vector. Para eso se usa la función `scan()`, como se muestra a continuación:

```
vec <- scan("UnVec.txt")
print(vec)

## [1] 12.0000 15.5000  3.1000 -2.2000  0.0000  0.0007
```

Desde luego que hay otras funciones para lectura de archivos, más complejas, pero baste por el momento con el uso de esta función, tal como se muestra, para permitir la creación de un vector a partir de los datos contenidos en un archivo de texto. Por el ahora, la única nota adicional es que la función `scan()` ofrece la posibilidad de indicarle explícitamente el tipo de vector que se quiere crear. Así por ejemplo, la creación de un vector de enteros se hace de la siguiente manera:

```
vec <- scan("IntVec.txt", integer())
print(vec); class(vec) # El vector y su clase

## [1]   4   3  -2   1   0 200  -8  20
## [1] "integer"
```

Por supuesto que en este caso, se debe prever que el archivo leído contenga datos que puedan ser interpretados como números enteros.

La función inversa, en este caso, de la función scan(), es la función write. Así, un vector cualquiera fácilmente se puede escribir en un archivo de texto, como se muestra a continuación:

```
vv <- c(5, 6.6, -7.7)
write(vv, "OtroArchivo.txt")
```

```
# Ahora recuperemos el contenido del archivo
v1 <- scan("OtroArchivo.txt")
v1

## [1]  5.0  6.6 -7.7
```

2.2.3. Creación de vectores a partir de secuencias y otros patrones

Un vector, inicializado en ceros, o `FALSE`, y de longitud determinada, se puede crear con la función `vector()`. Es esta misma función la que permite crear vectores sin elementos. En seguida se muestran algunos ejemplos:

```
v <- vector("integer", 0)
v  # Un vector de enteros sin elementos

## integer(0)

w <- vector("numeric", 3)
w  # Un vector de tres ceros

## [1] 0 0 0

u <- vector("logical", 5)
u  # Un vector de 5 FALSE

## [1] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
```

El operador `':'` permite generar un vector entero a partir de una secuencia creciente o decreciente de enteros, cuyos extremos se indican, tal como se muestra en seguida:

```
1:3

## [1] 1 2 3

v <- 40:13
print(v); class(v) # El vector y su clase

##  [1] 40 39 38 37 36 35 34 33 32 31 30 29 28 27 26 25 24 23
## [19] 22 21 20 19 18 17 16 15 14 13
## [1] "integer"
```

Nótese que el desplegado o impresión del vector `v`, se ha tenido que hacer en dos renglones. Cada uno de esos renglones comienza, indicando entre

corchetes `[ ]`, el índice del primer elemento en el renglón. El alcance del operador `':'` no se limita, sin embargo, sólo a números enteros. Veamos el siguiente ejemplo:

```
v <- pi:6
print(v); class(v) # El vector y su clase

## [1] 3.142 4.142 5.142
## [1] "numeric"
```

En este ejemplo, `pi` simboliza el valor de la constante matemática $\pi \simeq 3.1416$, y la secuencia de números reales que se produce es con incrementos de 1 a ese valor hasta mientras que no se rebase el límite superior, 6, en este caso. Por otra parte, este operador es un caso particular de la función `seq()` que permite generar una mayor variedad de secuencias numéricas. Veamos aquí algunos ejemplos:

```
v <- seq(from = 5, to = 15, by = 2)
print(v)  # secuencia desde 5 hasta 15 de 2 en 2

## [1]  5  7  9 11 13 15
```

Debe notarse aquí, no obstante, que la clase del resultado de esta secuencia es `numeric` y no `integer`; esto es, el vector resultante es de números reales, que puede, a conveniencia, ser convertido a enteros, mediante la función `as.integer()`, como se vio anteriormente, en la página 14.

```
class(v)

## [1] "numeric"
```

La función `seq()` tiene varios argumentos más cuya documentación se puede consultar mediante `?seq` o `help('seq')` en el intérprete de R. En seguida se muestra sólo otra forma bastante común de utilizar esta función, que tiene que ver con la producción de un vector o una secuencia de una longitud determinada.

```
v <- seq(from = 4, by = 2, length.out = 8)
print(v)  # secuencia de 8 números iniciando desde  4 y de 2 en 2

## [1]  4  6  8 10 12 14 16 18
```

Algunas veces es necesario repetir una secuencia de números varias veces para generar un vector deseado. La función `rep()` sirve para ese propósito. Supóngase, por ejemplo, que se desea crear un vector con la repetición de la secuencia 4, 8, -3, cinco veces. Eso se logra como se muestra a continuación:

```
v <- c(4, 8, -3)
w <- rep(v, times = 5)
print(w)

##  [1]  4  8 -3  4  8 -3  4  8 -3  4  8 -3  4  8 -3
```

Finalmente, aveces se requiere construir un vector a partir de dos o más vectores ya existentes. La forma simple de lograr esto es con la función `c()` como se muestra a continuación:

```
u <- c(3, 4, 5)
v <- c(5, 4, 3)
w <- c(u, v)
print(w)  # La concatenación de u y v

## [1] 3 4 5 5 4 3
```

2.2.4. Acceso a los elementos individuales de un vector

Aunque este tema está comprendido dentro de la selección de subconjuntos o porciones, que se verá más adelante en el capítulo 3, se dará aquí un adelanto para permitir operar con los elementos individuales de los vectores. Dentro de un vector, sus elementos se pueden identificar mediante un *índice* entero, que en el caso de este lenguaje empieza con el 1. Así, por ejemplo:

```
v <- c(8, 7, -3, 2, 182)
v[5] # El quinto elemento

## [1] 182

print(v[1]); print(v[3])

## [1] 8
## [1] -3

v[4]+v[2] # La suma del cuarto y segundo elementos de v

## [1] 9
```

Primeramente se ha accedido al quinto elemento, mediante `v[5]` ; si el intérprete de R se está usando interactivamente, el valor de ese elemento, 182 , se imprime implícitamente. Luego se manda imprimir explícitamente, los elementos 1 y 3 del vector. Finalmente, se suman los elementos 4 y 2 del vector; el resultado de esa operación se imprime implícitamente, es decir, de manera automática, si la operación se solicita al intérprete en su modo interactivo.

El acceso a los elementos individuales de un vector no solamente es para *consulta* o *lectura*, sino también para su *modificación* o *escritura*. Por ejemplo:

```
v[1] <- v[2] - v[5]
v  # Note que el resultado de la operación se ha guardado en v[1]

## [1] -175    7   -3    2  182
```

Esta misma operación puede hacer crecer un vector. Por ejemplo, el vector `v` tiene 5 elementos. Si se asigna un valor al elemento 8, el vector *crecerá* hasta esa longitud, de la manera siguiente:

```
v[8] <- 213
v  # v tiene ahora 8 elementos con espacios vacios: NA

## [1] -175    7   -3    2  182   NA   NA  213
```

La nota aquí es que para aumentar el vector a esa longitud se tuvieron que introducir elementos ausentes o vacíos que se indican con el valor `NA` (del inglés: *Not Available*) en los espacios correspondientes.

Otra característica interesante de este lenguaje, es que permite dar nombre y acceder por medio de ese nombre a los elementos individuales de un vector. Supóngase por ejemplo que se tiene el registro de cantidades de ciertas frutas en un vector:

```
frutas <- c(15, 100, 2, 30)
frutas

## [1]  15 100   2  30
```

Supóngase ahora que se quiere asociar esos valores con el nombre de la fruta correspondiente:

```
names(frutas) <- c("naranja", "pera", "manzana", "durazno")
```

Si ahora se manda desplegar el vector:

```
frutas

## naranja    pera manzana durazno
##      15     100       2      30
```

Otra manera más directa de nombrar los elementos de un vector, es en el momento mismo de la creación con la función `c()`, con una sintaxis semejante a la siguiente:

```
frutas <- c(naranja = 15, pera = 100, manzana = 2, durazno = 30)
```

Además se puede acceder a los elementos individuales del vector mediante su nombre:

```
frutas["durazno"]

## durazno
##      30

frutas["manzana"] <- 8
frutas

## naranja    pera manzana durazno
##      15     100       8      30

# El acceso a través de índices se sigue permitiendo:
frutas[2]

## pera
##  100
```

2.2.5. Operaciones sencillas con vectores

Las operaciones aritméticas más comunes están definidas para vectores: la suma, la resta, la división y la exponenciación, todas ellas se definen elemento a elemento entre dos vectores. Por ejemplo:

```
v <- 2 + 3  # Resulta en un vector de longitud 1
v

## [1] 5

v <- c(2, 3) - c(5, 1)  # Resulta en un vector de longitud 2
v

## [1] -3  2

v <- c(2, 3, 4) * c(2, 1, 3)  # Resulta en un vector de longitud 3
v

## [1]  4  3 12

v <- c(2, 3, 4)^(3:1)  # Eleva a potencias 3,2,1
v

## [1] 8 9 4
```

En todos los casos, la operación indicada se aplica elemento a elemento entre los dos vectores operandos. En el último ejemplo, debido al orden de precedencia de aplicación de los operadores, es necesario encerrar entre paréntesis la expresión `3:1`.

En muchas ocasiones es necesario saber la longitud de una vector. La función `length()` aplicada a un vector regresa precisamente ese valor:

```
u <- 2:33
v <- c(4, 5, 6)
w <- c(u, v)
w

##  [1]  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19
## [19] 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33  4  5  6

length(w)

## [1] 35
```

Aprovecharemos el vector `w`, creado en el ejemplo anterior, para ilustrar también el uso de las operaciones lógicas. ¿Qué pasa si probamos este vector para saber cuáles de sus elementos son menores o iguales a 10?

```
w <= 10  # Prueba elementos menores o iguales a 10

##  [1]  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE
## [10] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
## [19] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
## [28] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE  TRUE  TRUE  TRUE
```

El resultado es un vector de lógicos, de la misma longitud que el original y *paralelo* a ese, en el que se indica, elemento a elemento cuál es el resultado de la prueba lógica: *"menor o igual que diez"*, en este caso. Otros operadores lógicos son: <, >, >=, ==, y `!=`.

En el asunto de las operaciones aritméticas que se han ilustrado anteriormente, surge una pregunta: ¿qué pasa cuando los vectores operandos no son de la misma longitud? En esos casos, el intérprete del lenguaje procede a completar la operación *reciclando* los elementos del operador de menor longitud. Así, por ejemplo:

```
v <- c(4, 5, 6, 7, 8, 9, 10) * c(1, 2)

## Warning: longitud de objeto mayor no es múltiplo de la longitud
de uno menor

v

## [1]  4 10  6 14  8 18 10
```

es lo mismo que:

```
v <- c(4, 5, 6, 7, 8, 9, 10) * c(1, 2, 1, 2, 1, 2, 1)
v

## [1]  4 10  6 14  8 18 10
```

Notemos, sin embargo, que en el primer caso el sistema ha arrojado un mensaje de advertencia, *Warning*, indicando la diferencia en las longitudes de los operandos. La eliminación de estos mensajes se hace por medio de la función `options()`, como sigue:

```
options(warn = -1)
v <- c(4, 5, 6, 7, 8, 9, 10) * c(1, 2)
v

## [1]  4 10  6 14  8 18 10
```

Es esta funcionalidad la que permite hacer de manera muy simple algunas operaciones vectoriales, como por ejemplo:

```
v <- c(2, -3, 4)
w <- 2 * (v^2)  # Dos veces el cuadrado de v
w

## [1]  8 18 32
```

Además, algunas funciones pueden recibir como argumento un vector y producir a su salida un vector de la misma longitud que el de entrada. Tal es el caso de las funciones trigonométricas como `sin()`, `cos()`, y la raíz cuadrada: `sqrt()`. Por ejemplo:

```
# Se desea la raíz cuadrada de los siguientes valores:
v <- c(9, 8, 31)
sqrt(v)

## [1] 3.000 2.828 5.568

# El sin de 30, 45 y 60 grados: Primero se hace la conversión
# a radianes:
angulos <- c(30, 45, 60) * (pi/180)
angulos  # En radianes

## [1] 0.5236 0.7854 1.0472

senos <- sin(angulos)
senos

## [1] 0.5000 0.7071 0.8660
```

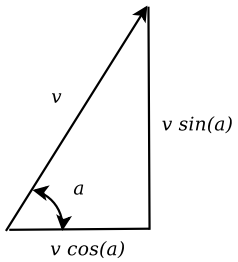


Figura 2.1: Las componentes de la velocidad

Para ilustrar la utilidad de estos conceptos en los siguientes párrafos se da un ejemplo de aplicación.

Ejemplo de aplicación

De un edificio, a una altura de 15 m, se ha lanzado con un ángulo de 50 grados, un proyectil a una velocidad de 7 m/s. ¿Cuáles serán las alturas (coordenadas y) del proyectil a cada 0.5 m de distancia horizontal desde donde se lanzó y hasta los 11 m?

Las ecuaciones que gobiernan este fenómeno son las siguientes:

$$x = v_{0x}t + x_0$$

$$y = -\frac{1}{2}gt^2 + v_{0y}t + y_0$$

Aquí, g es la aceleración de la gravedad, el parámetro t se refiere al tiempo, y la velocidad está descompuesta en sus componentes: v_{0x} y v_{0y}. Tal como se muestra en la Fig. 2.1, éstas se pueden obtener a partir de la velocidad inicial y el ángulo, usando las funciones trigonométricas `sin()` y `cos()`, y considerando que en R, los argumentos de esas funciones deben estar dados en radianes, y por tanto el ángulo debe convertirse a esa unidad. Así, los datos de partida son como sigue:

```
g <- 9.81  # aceleración gravedad
x0 <- 0  # x inicial
y0 <- 15  # y inicial
vi <- 7  # velocidad inicial
alphaD <- 50  # ángulo-grados
```

y para encontrar las componentes de la velocidad:

```
# Se convierte a radianes
alpha <- (pi/180) * alphaD  # angulo-radianes
vox <- vi * cos(alpha)  # componente x de velocidad inicial
vox
```

```
## [1] 4.5

voy <- vi * sin(alpha)  # componente y de velocidad inicial
voy

## [1] 5.362
```

Con esto es suficiente para proceder con el problema. Primeramente obtenemos las x para las que se desea hacer el cálculo, como sigue:

```
# desde 0 hasta 11 de 0.5 en 0.5:
las.x <- seq(from = 0, to = 11, by = 0.5)
```

En este ejemplo, la secuencia de valores de x se ha guardado en una variable de nombre "`las.x`". En este lenguaje, en los nombres de las variables, el punto (.), así como el guión bajo (_), se pueden utilizar simplemente como separadores, para darles mayor claridad.

Nótese que en las fórmulas que gobiernan el fenómeno, dadas anteriormente, no se tiene y en función de x, sino que las dos coordenadas dependen del parámetro t, esto es, del tiempo. Para resolver este asunto simplemente se despeja en parámetro t, en la ecuación de x, y obtenemos:

$$t = (x - x_0)/v_{0x}$$

Así, obtenemos los valores de t correspondientes a las x, usando esta fórmula:

```
las.t <- (las.x - x0)/vox
```

Finalmente, encontramos las y correspondientes a las t, justamente encontradas, aplicando la fórmula para y:

```
las.y <- -(g/2) * las.t^2 + voy * las.t + y0
# Los resultados:
las.x

##  [1]  0.0  0.5  1.0  1.5  2.0  2.5  3.0  3.5  4.0  4.5  5.0
## [12]  5.5  6.0  6.5  7.0  7.5  8.0  8.5  9.0  9.5 10.0 10.5
## [23] 11.0

las.y

##  [1] 15.0000 15.5353 15.9495 16.2425 16.4144 16.4652 16.3948
##  [8] 16.2033 15.8906 15.4568 14.9019 14.2258 13.4286 12.5103
## [15] 11.4708 10.3102  9.0285  7.6256  6.1015  4.4564  2.6901
## [22]  0.8026 -1.2059
```

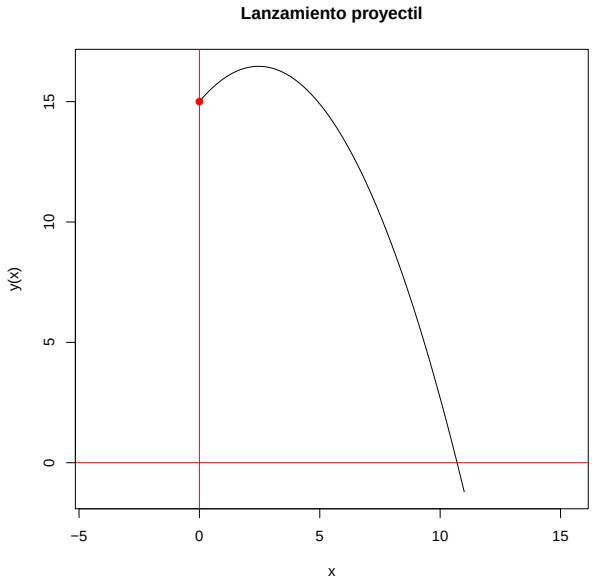


Figura 2.2: Gráfico de la trayectoria del proyectil lanzado desde una altura de 15 m.

Se han encontrado los valores buscados, y en la Fig. 2.2 se muestra un gráfico con la trayectoria del proyectil[1].

2.2.6. Otras clases de datos basadas en vectores

Los vectores sirven como base para la definición de otras clases de datos, a saber: las matrices y los arreglos. En la sección siguiente se da una breve introducción al tema de las matrices. El tema de los arreglos, sin embargo, se abordará en un capítulo posterior.

2.3. Matrices

Desde el punto de vista del lenguaje, una matriz es un vector con un atributo adicional: `dim`. Para el caso de las matrices, este atributo es un vector entero de dos elementos, a saber: el número de renglones y el número de columnas que componen a la matriz.

[1] Más detalles de estas y otras fórmulas de la física se pueden encontrar en Halliday et al. [2005]

2.3.1. Construcción de matrices

Una de las formas de construir una matriz es a partir de un vector, como sigue:

```
(m <- 11:30)  # Un vector con 20 números

##  [1] 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28
## [19] 29 30

# Para convertirla en matriz simplemente se especifica el
# atributo dim
dim(m) <- c(4, 5)  # 4 renglones y 5 columnas
m

##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## [1,]   11   15   19   23   27
## [2,]   12   16   20   24   28
## [3,]   13   17   21   25   29
## [4,]   14   18   22   26   30

class(m)

## [1] "matrix"
```

Debe notarse que, mediante la construcción mostrada, el armado de la matriz se hace por columnas. Por otra parte, las dimensiones de la matriz pueden cambiarse en cualquier momento, y el acceso a un elemento particular de la matriz se hace ahora mediante dos índices: el renglón y la columna, aunque, el acceso a los elementos de la matriz como un vector, es decir, con un solo índice, sigue siendo posible, como se muestra en seguida:

```
dim(m) <- c(5, 4)  # ahora 5 renglones y 4 columnas
m

##      [,1] [,2] [,3] [,4]
## [1,]   11   16   21   26
## [2,]   12   17   22   27
## [3,]   13   18   23   28
## [4,]   14   19   24   29
## [5,]   15   20   25   30

# Y el elemento en el renglon 3 y columna 2 es:
m[3, 2]

## [1] 18

m[8]  # acceso al mismo elemento, como vector, con un solo índice

## [1] 18
```

Una ventaja del lenguaje es que permite hacer referencia a una columna o a un renglón de la matriz, como si se tratara de un sólo objeto, o sea como un vector. Para ello, se omite alguno de los dos índices en la expresión de acceso a la matriz, como se muestra más adelante. En el ejemplo que se viene examinando, esos vectores estarían compuestos por números enteros, aunque los componentes de una matriz pueden ser también reales (`numeric`) o complejos (`complex`).

```
# El renglón 3 y la columna 2 de la matriz:
m[3, ]

## [1] 13 18 23 28

m[, 2]

## [1] 16 17 18 19 20

# La clase las columnas o renglones:
class(m[3, ])

## [1] "integer"
```

Las matrices también se pueden crear de manera flexible por medio de la función primitiva `matrix()`, que permite alterar la secuencia por *default* de armado de la matriz; esto es, ahora, si se quiere, se puede armar la matriz por renglones en vez de columnas:

```
(m <- matrix(11:30, nrow = 5, ncol = 4, byrow = TRUE))

##      [,1] [,2] [,3] [,4]
## [1,]   11   12   13   14
## [2,]   15   16   17   18
## [3,]   19   20   21   22
## [4,]   23   24   25   26
## [5,]   27   28   29   30
```

Adicionalmente, a los renglones y las columnas de una matriz se les pueden asignar nombres, que pueden ser después consultados o usados como índices:

```
rownames(m) <- c("uno", "dos", "tres", "cuatro", "cinco")
colnames(m) <- c("UNO", "DOS", "TRES", "CUATRO")
m

##        UNO DOS TRES CUATRO
## uno     11  12   13     14
## dos     15  16   17     18
## tres    19  20   21     22
```

```
## cuatro  23  24   25     26
## cinco   27  28   29     30

# Consulta de los nombres de las columnas
colnames(m)

## [1] "UNO"    "DOS"    "TRES"   "CUATRO"

# Una columna:
m[, "DOS"]

##    uno    dos   tres cuatro  cinco
##     12     16     20     24     28
```

Las funciones `rbind()` y `cbind()`, son otras que se pueden utilizar para construir matrices, dando, ya sea los renglones individuales o las columnas individuales, respectivamente.

```
m1 <- rbind(c(1.5, 3.2, -5.5), c(0, -1.1, 60))
m1

##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]  1.5  3.2 -5.5
## [2,]  0.0 -1.1 60.0

class(m1[1, ])  # ahora compuesta de números reales

## [1] "numeric"

(m2 <- cbind(c(1.5, 3.2, -5.5), c(0, -1.1, 60)))

##      [,1] [,2]
## [1,]  1.5  0.0
## [2,]  3.2 -1.1
## [3,] -5.5 60.0
```

2.3.2. Acceso a los elementos individuales de una matriz

Como en los casos anteriores, el lenguaje también provee de mecanismos para acceder a los elementos individuales de una matriz. Para ello se emplea el operador `[]`. Supongamos que en la matriz `m`, del ejemplo anterior se quiere tener acceso al elemento que se encuentra en el renglón 2 y en la columna 1 de la matriz. Eso se logra de la siguiente manera:

```
m[2, 1]

## [1] 15
```

Y también se pueden utilizar los nombres de renglón y columna, si es que la matriz los tiene:

```
m["dos", "UNO"]

## [1] 15
```

Otras formas para tener acceso a porciones de la matriz, se verán con detalle más adelante, en el capítulo 3.

2.3.3. Operaciones sencillas con matrices

Todas las operaciones aritméticas válidas para vectores, son validas para las matrices, siempre y cuando, las matrices operando tengan las mismas dimensiones y se aplican elemento a elemento, esto es, la operación se aplica entre cada columna, con su correspondiente, como si fueran vectores. (véase la sección correspondiente: 2.2.5). En seguida, se muestra un ejemplo con la multiplicación, que no debe ser confundido con la multiplicación matricial.

```
(m <- matrix(1:15, nrow = 5, ncol = 3))

##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1    6   11
## [2,]    2    7   12
## [3,]    3    8   13
## [4,]    4    9   14
## [5,]    5   10   15

(mm <- rbind(1:3, 3:1, c(1, 1, 1), c(2, 2, 2), c(3, 3, 3)))

##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1    2    3
## [2,]    3    2    1
## [3,]    1    1    1
## [4,]    2    2    2
## [5,]    3    3    3

m * mm

##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1   12   33
## [2,]    6   14   12
## [3,]    3    8   13
## [4,]    8   18   28
## [5,]   15   30   45
```

La multiplicación matricial se hace con el operador %*%. Para entender esta operación, pondremos un ejemplo con dos matrices, como sigue:

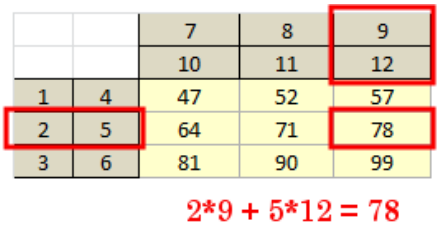


Figura 2.3: La multiplicación matricial

```
(A <- matrix(1:6, 3, 2))

##      [,1] [,2]
## [1,]    1    4
## [2,]    2    5
## [3,]    3    6

(B <- rbind(7:9, 10:12))

##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    7    8    9
## [2,]   10   11   12
```

En el ejemplo, la matriz `A` será multiplicada por la matriz `B`, y debe notarse que, en este caso, el número de columnas de la matriz `A`, es igual al número de renglones de la matriz `B`. La multiplicación de estas dos matrices la podemos visualizar en la Fig. 2.3. En esta figura, la matriz `A` se pone a la izquierda y la matriz `B` se pone en la parte superior. Los elementos de la matriz producto, estarán en las intersecciones de un renglón de la matriz `A` con una columna de la matriz `B`, y se calculan como se muestra en el ejemplo: el primer elemento del renglón de `A` por el primer elemento de la columna de `B` más el segundo elemento del renglón de `A` por el segundo elemento de la columna de `B`, etc. Este procedimiento es igual, para dimensiones mayores, siempre y cuando coincida el número de columnas de `A` con el número de renglones de `B`. En R, esta operación se hace así:

```
A %*% B

##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]   47   52   57
## [2,]   64   71   78
## [3,]   81   90   99
```

Otra operación muy utilizada e implementada en R como una función, `t()`, es la traspuesta de una matriz. Esta es una operación en la que los renglones se cambian a columnas y viceversa, tal como se muestra en el siguiente ejemplo:

```
# Se usa la misma matriz A del ejemplo anterior:
A

##      [,1] [,2]
## [1,]    1    4
## [2,]    2    5
## [3,]    3    6

t(A)

##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1    2    3
## [2,]    4    5    6
```

Hay otras operaciones matriciales, cuyo detalle se puede ver en Lang [1987], pero baste con éstas en el presente capítulo, que las otras se introducirán más adelante en el texto.

Ejemplo de aplicación

Las transformaciones lineales se representan por medio de matrices, y su aplicación involucra la multiplicación matricial de la matriz que representa la transformación por el vector o secuencia de vectores que representan el punto o puntos en el espacio que se quieren transformar. Como un ejemplo, la rotación en dos dimensiones es una transformación lineal: si se quiere rotar el punto (x, y) por un ángulo α, la operación está dada por:

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{bmatrix} \cos\alpha & -\sin\alpha \\ \sin\alpha & \cos\alpha \end{bmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix}$$

donde el punto (x', y'), es el punto transformado, es decir, al que se ha aplicado la rotación. Si la operación se quiere hacer a una secuencia de puntos que pudieran representar los vértices de alguna figura geométrica, bastará con armar la matriz de puntos correspondiente y aplicar a ella la transformación, de la siguiente manera[2]:

$$\begin{bmatrix} x'_1 & x'_2 & \dots & x'_n \\ y'_1 & y'_2 & \dots & y'_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos\alpha & -\sin\alpha \\ \sin\alpha & \cos\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x_1 & x_2 & \dots & x_n \\ y_1 & y_2 & \dots & y_n \end{bmatrix}$$

Supóngase ahora, que se tiene un triángulo, cuyos vértices son (1.0, 0.0), (2.0, 1.0), y (1.0, 1.0), y se quieren encontrar los vértices del triángulo resultante de una rotación de 32º. Tómese en cuenta que el lenguaje R, provee de las funciones trigonométricas `sin()`, `cos()`, así como del número `pi`.

[2]El detalle de estas operaciones de transformación y su significado geométrico se pueden consultar en Lang [1987], Artzy [1974]

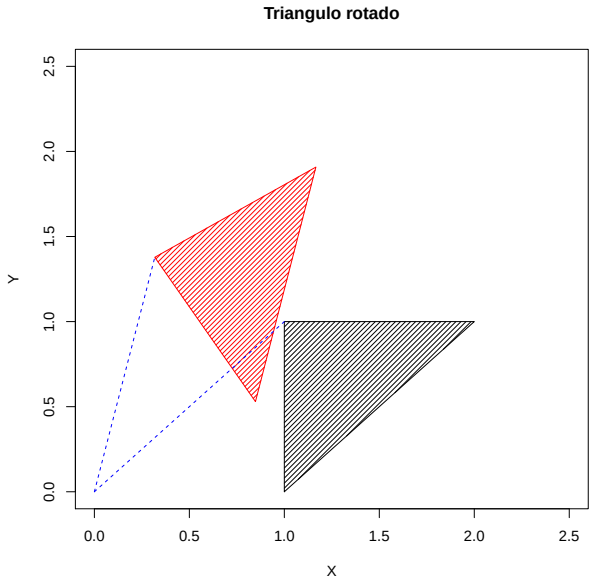


Figura 2.4: Rotación de un triángulo; el triángulo rotado se muestra en rojo

```
# Triangulo original:
m <- cbind(c(1, 0), c(2, 1), c(1, 1))
# Se convierte el ángulo a radianes
alpha <- 32 * pi/180
# La matriz para esa rotación es:
tr <- rbind(c(cos(alpha), -sin(alpha)), c(sin(alpha), cos(alpha)))
# El triángulo transformado
mt <- tr %*% m  # multiplicacion matricial
# Los vertices del triangulo transformado
mt
```

```
##         [,1]  [,2]   [,3]
## [1,] 0.8480 1.166 0.3181
## [2,] 0.5299 1.908 1.3780
```

En la Fig. 2.4 se muestran tanto el triangulo original, como el triangulo resultante, en rojo, después de la rotación.

2.4. Factores y vectores de caracteres

Los caracteres, o más apropiadamente, las *cadenas de caracteres*, se utilizan para nombrar cosas u objetos del *mundo*. Igual que en el caso de los números, en

R la clase `character` no se refiere a una cadena de caracteres aislada sino a un vector que contiene cero o más cadenas de caracteres. De este modo podríamos tener por ejemplo, una lista (o vector) con los nombres de personas, y otra, paralela a la primera, con sus meses de nacimiento:

```
persona <- c("Hugo", "Paco", "Luis", "Petra", "Maria", "Fulano",
             "Sutano", "Perengano", "Metano", "Etano", "Propano")
mes.nacimiento <- c("Dic", "Feb", "Oct", "Mar", "Feb", "Nov",
                    "Abr", "Dic", "Feb", "Oct", "Dic")
persona

##  [1] "Hugo"      "Paco"      "Luis"      "Petra"
##  [5] "Maria"     "Fulano"    "Sutano"    "Perengano"
##  [9] "Metano"    "Etano"     "Propano"

mes.nacimiento

##  [1] "Dic" "Feb" "Oct" "Mar" "Feb" "Nov" "Abr" "Dic" "Feb"
## [10] "Oct" "Dic"
```

Así, si se quiere imprimir el nombre de la persona 7 con su mes de nacimiento se puede hacer con:

```
print(persona[7]); print(mes.nacimiento[7])

## [1] "Sutano"
## [1] "Abr"

# De una manera más "pulcra":
print( c(persona[7], mes.nacimiento[7]) )

## [1] "Sutano" "Abr"
```

La función `paste()` permite concatenar cadenas de caracteres y por medio de ella se puede dar incluso una mejor apariencia a la salida:

```
paste(persona[7], "nacio en el mes de", mes.nacimiento[7])

## [1] "Sutano nacio en el mes de Abr"
```

2.4.1. Los factores y su estructura

Los dos vectores anteriores pueden considerarse como una *estructura de información*, a la que se puede someter a algún tipo de procesamiento estadístico. El lenguaje tiene muchas herramientas para ese propósito. Considérese, por ejemplo, el problema de determinar la frecuencia de aparición de ciertos meses en el vector `mes.nacimiento`. En este caso, el lenguaje provee de una clase

que facilita este tipo de análisis, a saber: la clase `factor`. Para entender esta clase, procedamos primeramente a transformar el vector `mes.nacimiento` a un factor, mediante la función de conversión `as.factor()`, como sigue:

```
Fmes.nacimiento <- as.factor(mes.nacimiento)
Fmes.nacimiento

##  [1] Dic Feb Oct Mar Feb Nov Abr Dic Feb Oct Dic
## Levels: Abr Dic Feb Mar Nov Oct

# y generamos la impresión ahora con el factor:
paste(persona[7], "nacio en el mes de", Fmes.nacimiento[7])

## [1] "Sutano nacio en el mes de Abr"
```

Si se compara la impresión del factor `Fmes.nacimiento` con la del vector `mes.nacimiento`, se podría pensar que "no ha pasado mucho". De hecho, la impresión *bonita* con la función `paste()`, ha resultado igual. Sin embargo, el factor exhibe una estructura adicional denominada `Levels`, en la que se han registrado e identificado los elementos del vector sin repetición; esto es, los nombres únicos de los meses, en este caso. La estructura interna de esta clase se puede descubrir:

```
unclass(Fmes.nacimiento)

##  [1] 2 3 6 4 3 5 1 2 3 6 2
## attr(,"levels")
## [1] "Abr" "Dic" "Feb" "Mar" "Nov" "Oct"
```

Como se puede ver, el núcleo de la clase son dos vectores. El primero, es un vector de índices enteros, que sustituye al vector de caracteres original, y el segundo es un vector de caracteres, que contiene los niveles (*Levels*) o categorías, a los que hace referencia el primer vector. La Fig. 2.5 muestra esta disposición, en la que, con motivo de no tener un desplegado confuso, se grafican sólo tres de las referencias del vector de índices al vector de niveles.

Abordemos ahora el problema que motivó la presente discusión: la frecuencia de aparición de ciertos elementos en un vector. La función `table()` toma típicamente como argumento un factor y regresa como resultado justamente la frecuencia de aparición de los niveles en el vector de índices:

```
table(Fmes.nacimiento)

## Fmes.nacimiento
## Abr Dic Feb Mar Nov Oct
##   1   3   3   1   1   2
```

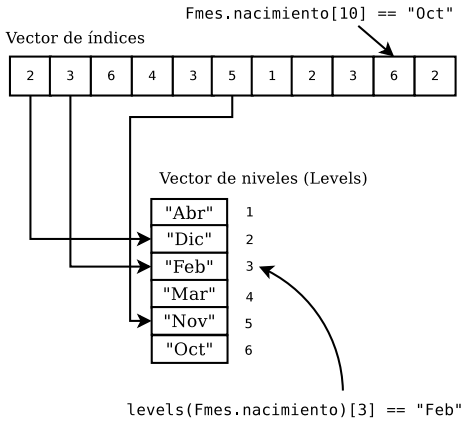


Figura 2.5: Estructura interna de los factores

La interpretación de estos resultados en el contexto de la estructura de información original, es que, por ejemplo, 3 personas del vector `persona`, nacieron en el mes de Dic. En el ejemplo mostrado, los niveles o `Levels` aparecen ordenados alfabéticamente. La creación de factores en los que se establezca un orden determinado en los niveles, se puede hacer con la función `factor()`, como se muestra:

```
meses <- c("Ene","Feb","Mar","Abr","May","Jun","Jul","Ago",
           "Sep","Oct","Nov","Dic")
# Se incluyen meses que no están el el vector original
FFmes.nacimiento <- factor(mes.nacimiento, levels=meses)
FFmes.nacimiento

##  [1] Dic Feb Oct Mar Feb Nov Abr Dic Feb Oct Dic
## 12 Levels: Ene Feb Mar Abr May Jun Jul Ago Sep Oct ... Dic

# Ahora la tabla de frecuencias es:
table(FFmes.nacimiento)

## FFmes.nacimiento
## Ene Feb Mar Abr May Jun Jul Ago Sep Oct Nov Dic
##   0   3   1   1   0   0   0   0   0   2   1   3
```

Debe notarse que la función `table()` pudiera haber recibido como argumento directamente el vector de caracteres original, y hubiera producido el resultado deseado, como se muestra:

```
table(mes.nacimiento)

## mes.nacimiento
```

```
## Abr Dic Feb Mar Nov Oct
##   1   3   3   1   1   2
```

La razón es simple: el intérprete del lenguaje *sabe* que la función está esperando recibir un factor y en consecuencia trata de convertir, en automático, el argumento que recibe, a esa clase. Como la conversión de vectores de caracteres a factores es trivial, la función no tiene ningún problema en desarrollar su tarea.

2.4.2. Acceso a los elementos de un factor

El acceso a cada uno de los dos vectores que le dan estructura al factor se hace como se muestra a continuación y se ha ilustrado también en la Fig. 2.5:

```
# Un elemento individual del factor:
Fmes.nacimiento[10]

## [1] Oct
## Levels: Abr Dic Feb Mar Nov Oct

# Un elemento individual de los niveles:
levels(Fmes.nacimiento)[3]

## [1] "Feb"
```

Incluso es posible modificar todos o algunos de los niveles del factor. Por ejemplo:

```
levels(Fmes.nacimiento)[3] <- "febrero"
Fmes.nacimiento

##  [1] Dic     febrero Oct     Mar     febrero Nov     Abr
##  [8] Dic     febrero Oct     Dic
## Levels: Abr Dic febrero Mar Nov Oct
```

Si se quiere tener acceso al factor como un vector de índices, se convierte a entero:

```
as.integer(Fmes.nacimiento)

##  [1] 2 3 6 4 3 5 1 2 3 6 2
```

2.5. Listas

Una lista, de la clase `list`, es una clase de datos que puede contener cero o más elementos, cada uno de los cuales puede ser de una clase distinta. Por

ejemplo, se puede concebir una lista para representar una familia: la mamá, el papá, los años de casados, los hijos, y las edades de los hijos, de la manera siguiente:

```
familia <- list("Maria", "Juan", 10, c("Hugo", "Petra"), c(8,
    6))
familia

## [[1]]
## [1] "Maria"
##
## [[2]]
## [1] "Juan"
##
## [[3]]
## [1] 10
##
## [[4]]
## [1] "Hugo"  "Petra"
##
## [[5]]
## [1] 8 6
```

Nótese que la lista contiene cinco elementos; los tres primeros son a su vez de un sólo elemento: el nombre de la mamá, el nombre del papá, y los años de casados. Los siguientes dos, son dos vectores de dos elementos cada uno: los hijos y sus respectivas edades.

Al igual que en el caso de los vectores, como se vio en la sección 2.2.4 en la página 21, los elementos de las listas pueden ser nombrados, lo que añade mayor claridad a su significado dentro de la lista. La forma de hacer esto se muestra a continuación:

```
familia <- list(madre="Maria", padre="Juan", casados=10,
                hijos=c("Hugo", "Petra"), edades=c(8, 6))
familia

## $madre
## [1] "Maria"
##
## $padre
## [1] "Juan"
##
## $casados
## [1] 10
##
## $hijos
```

```
## [1] "Hugo"  "Petra"
##
## $edades
## [1] 8 6
```

2.5.1. Acceso a los elementos individuales de una lista

Al igual que en el caso de los vectores, las listas no serían de mucha utilidad sin la posibilidad de tener acceso a sus elementos individuales. El lenguaje, provee de este acceso mediante tres operadores, a saber: `[ ]`, `[[ ]]`, y `$`. El primero de estos operadores se revisará a detalle en el capítulo 3. Aquí se explicarán los otros dos operadores en su forma de uso más simple.

Cuando los elementos de la lista tienen nombre, se puede acceder a ellos con cualquiera de los dos operadores. Usando los ejemplos anteriores, esto se puede hacer de la manera siguiente:

```
# Acceso de lectura
familia$madre

## [1] "Maria"

familia[["madre"]]

## [1] "Maria"

# Acceso de escritura
familia[["padre"]] <- "Juan Pedro"
familia$padre  # para checar el nuevo valor

## [1] "Juan Pedro"
```

Nótese que al emplear el operador `$`, no se han usado las comillas para mencionar el nombre del elemento, pero, este operador también admite nombres con comillas. Por otra parte, el operador `[[ ]]`, sólo admite los nombres de elementos con comillas, o de cualquier expresión que al evaluarse dé como resultado una cadena de caracteres. En seguida se muestran algunos ejemplos:

```
familia$"madre" <- "Maria Candelaria"
mm <- "madre"
familia[[mm]]

## [1] "Maria Candelaria"

familia[[ paste("ma", "dre", sep="") ]]

## [1] "Maria Candelaria"
```

En el último caso, el operador ha recibido como argumento la función `paste()`, que, como se ha dicho anteriormente, en la página 35, sirve para concatenar cadenas de caracteres. Esta función supone de inicio que las cadenas irán separadas por un espacio en blanco. Por ello es que, en el ejemplo se indica que el separador es vacío mediante `sep=""`. Alternativamente, para este último caso, se puede usar la función `paste0()`, que de entrada supone que tal separador es vacío.

2.6. *Data frames*

Un *data frame*[3] es una lista, cuyos componentes pueden ser vectores, matrices o factores, con la única salvedad de que las longitudes, o número de renglones, en el caso de matrices, deben coincidir en todos los componentes. La apariencia de un *data frame* es la de una tabla y una forma de crearlos es mediante la función `data.frame()` . Veamos un ejemplo:

```
(m <- cbind(ord=1:3, edad=c(30L, 26L, 9L)) )

##      ord edad
## [1,]   1   30
## [2,]   2   26
## [3,]   3    9

(v <- c(1.80, 1.72, 1.05) )

## [1] 1.80 1.72 1.05

ff <- data.frame(familia=c("Padre", "Madre", "Hijo"),
                 m, estatura=v)
ff

##   familia ord edad estatura
## 1   Padre   1   30     1.80
## 2   Madre   2   26     1.72
## 3    Hijo   3    9     1.05
```

Una gran ventaja de los *data frames*, es que R tiene diversas funciones para leer y guardar las tablas que representan, en archivos de texto, y otros formatos. Como un ejemplo, supongamos que se tiene un archivo, denominado "Rtext.txt", la siguiente información:

[3] *Usamos aquí el término anglosajón, "data frames", y no su traducción al castellano, "marco o estructura de datos", dado que estos nombres sólo introducirían confusión, pues ninguno de ellos da una pista de lo que es. Probablemente un término apropiado sería algo como "tabla de datos".*

	Precio	Piso	Area	Cuartos	Edad	Calentador
01	52.00	111.0	830	5	6.2	no
02	54.75	128.0	710	5	7.5	no
03	57.50	101.0	1000	5	4.2	no
04	57.50	131.0	690	6	8.8	no
05	59.75	93.0	900	5	1.9	si

La lectura de esta tabla hacia un *data frame*, es muy sencilla y se hace mediante la función `read.table()`[4], como sigue:

```
mi.tabla <- read.table("Rtext.txt")
mi.tabla

##    Precio Piso Area Cuartos Edad Calentador
## 01  52.00  111  830       5  6.2         no
## 02  54.75  128  710       5  7.5         no
## 03  57.50  101 1000       5  4.2         no
## 04  57.50  131  690       6  8.8         no
## 05  59.75   93  900       5  1.9         si
```

Nótese que el primer renglón y la primera columna no son parte de los datos de la tabla; ellos son, respectivamente, los nombres de las columnas y renglones de la tabla o *data frame*, lo que podemos constatar mediante las funciones `colnames()` y `rownames()`:

```
colnames(mi.tabla)

## [1] "Precio"     "Piso"       "Area"       "Cuartos"
## [5] "Edad"       "Calentador"

rownames(mi.tabla)

## [1] "01" "02" "03" "04" "05"
```

Como se mencionó anteriormente, un *data frame* es una lista muy particular, pero, ¿cuáles son los elementos de esa lista? Los elementos de la lista, y que obedecen a todas las reglas sintácticas dadas anteriormente (ver sección 2.5.1), son las columnas de la tabla. Así, por ejemplo, al segundo elemento de la lista podemos tener acceso de las siguientes formas:

```
mi.tabla$Piso

## [1] 111 128 101 131  93
```

[4]Aparte de la función `read.table()`, existen otras funciones que permiten leer datos de algún tipo de archivo y vaciarlos en una estructura de tipo data frame. Probablemente, una de las más útiles es la función `read.csv()`, que permite hacer esta operación a partir de archivos que contienen valores separados por comas, uno de los formatos de intercambio de información entre manejadores de hojas de cálculo, como Excel, más usados.

```
mi.tabla[[2]]

## [1] 111 128 101 131  93

mi.tabla[2]

##    Piso
## 01  111
## 02  128
## 03  101
## 04  131
## 05   93
```

En el último caso, los datos se despliegan junto con el nombre de la columna y cada uno de los nombres de los renglones. Ello se debe a que en realidad, el operador `[]` extrae una *rebanada* del dato o variable sobre la cuál opera, un *data frame* en este caso, y que podríamos denominarlo como un *sub-data frame* aquí; esto es, se trata otra vez de un *data frame* pero más *chiquito* que el original. Los detalles de este operador se discutirán a detalle más adelante en el texto.

Para tener acceso a un elemento individual de un data frame, se utiliza el operador `[]`, con la misma sintaxis que se utilizó para las matrices. Por ejemplo, el elemento en el renglón 3 y la columna 2, se puede revisar, o incluso cambiar con:

```
mi.tabla[3, 2]

## [1] 101

# modificamos el elemento con:
mi.tabla[3, 2] <- 106
mi.tabla

##    Precio Piso Area Cuartos Edad Calentador
## 01  52.00  111  830       5  6.2         no
## 02  54.75  128  710       5  7.5         no
## 03  57.50  106 1000       5  4.2         no
## 04  57.50  131  690       6  8.8         no
## 05  59.75   93  900       5  1.9         si
```

Otra característica importante de los *data frames* es que, salvo que se indique otra cosa, las columnas de tipo `character` se convierten automáticamente a tipo `factor`:

```
mi.tabla$Calentador

## [1] no no no no si
## Levels: no si
```

```
class(mi.tabla$Calentador)

## [1] "factor"
```

La posibilidad de operar con *rebanadas* de los data frames, es una de las cosas que hacen más atractivas a esta estructura. Si, por ejemplo, se quiere añadir, una nueva columna o componente del *data frame*, y ésta calcularla como el resultado de multiplicar el Precio por el Area, se puede hacer de la siguiente manera:

```
mi.tabla$Total <- mi.tabla$Precio * mi.tabla$Area
mi.tabla

##    Precio Piso Area Cuartos Edad Calentador Total
## 01  52.00  111  830       5  6.2         no 43160
## 02  54.75  128  710       5  7.5         no 38872
## 03  57.50  106 1000       5  4.2         no 57500
## 04  57.50  131  690       6  8.8         no 39675
## 05  59.75   93  900       5  1.9         si 53775
```

2.7. Funciones

A diferencia de otros lenguajes de programación procedurales, como C, Java, y PHP, en R las funciones constituyen una *clase*. Por ejemplo, los objetos de esa *clase* pueden ser asignados a variables; podría darse el caso, incluso, de armar una lista cuyos elementos fueran funciones.

Aunque la escritura de funciones es parte de la programación que se verá más adelante, se indicará aquí la forma de crear funciones como una herramienta para agrupar varias operaciones.

La sintaxis para la creación de una función es como sigue:

variable <- **function**(*arg_1*, *arg_2*, ..., *arg_n*) *expresion*

Como se puede ver, se trata de una asignación de un valor: la función, a una variable. A partir de esa definición, la variable se puede utilizar como el *nombre* de la función. En R, toda expresión tiene un valor, así que el valor de la *expresión* será lo que la función regresará cuando se aplique. En seguida se muestra un ejemplo.

```
hipotenusa <- function(x, y) {
    sqrt(x^2 + y^2)
}

class(hipotenusa)

## [1] "function"
```

En este caso, la función de biblioteca `sqrt()`, entrega la raíz cuadrada, y el operador `^`, eleva un valor a la potencia indicada como segundo argumento. La función entrega como resultado el último valor calculado que encuentre, aunque esta entrega se pude hacer explícita mediante la instrucción `return`, con lo cual la función anterior podría alternativamente ser codificada como:

```
hipotenusa <- function(x, y) {
    return(sqrt(x^2 + y^2))
}
```

Para utilizar esta función lo hacemos con:

```
hipotenusa(3, 4)

## [1] 5
```

Los argumentos de la función tienen nombres, y esos se pueden usar en el llamado a la función, cambiando incluso el orden en que aparecen en la definición de la función.

```
hipotenusa(y = 4, x = 3)

## [1] 5
```

Otra característica es que las funciones, en su definición, pueden tener valores asignados por defecto o en ausencia cuando es llamada la función:

```
hipotenusa <- function(x=3, y=4) { # valores por ausencia
    return( sqrt( x^2 + y^2 ) )
}
# Llamamos a la función con argumentos "ausentes"
hipotenusa()

## [1] 5
```

Las funciones toman sus datos de los argumentos dados o de las variables que "le están al alcance"[5] a la función, así por ejemplo, la siguiente función:

```
ff <- function(r) {
    return(PI * r^2)
}
```

si se ejecuta esta función, por ejemplo, con `ff(3)`, puede disparar un error, ya que no se ha definido el valor de PI. Pero si se ejecuta en la siguiente secuencia, se obtendrá un valor, aun cuando la función se haya definido con anterioridad:

[5] En la sección 5.2.2 en la página 98, se aborda con más detalle este tema.

```
PI <- 3.1416
ff(3)

## [1] 28.27
```

La noción de función que se ha presentado aquí es muy básica. En un capítulo posterior se presenta la creación de funciones enriquecida por las estructuras de control que se discutirán también más adelante.

2.8. Coerción

Se han abordado en este capítulo, no de una manera exhaustiva, pero sí para tener una idea clara de su potencial, los principales tipos de datos del lenguaje R. Estos tipos de datos son el fundamento para la construcción de otras *clases* de datos más complejas. Algunos de los tipos de datos admiten su conversión a otros tipos; para ello, el lenguaje provee de un conjunto de funciones de la forma: `as.<tipo>()`. En seguida se muestran algunos ejemplos.

Distintas conversiones entre datos numéricos:

```
x <- 1.03
x

## [1] 1.03

y <- as.integer(x)  # conversión a entero
y

## [1] 1

z <- as.complex(y)  # conversión a complejo
z

## [1] 1+0i

a <- c("1000", "2013.1", "0")
class(a)

## [1] "character"

b <- as.numeric(a)  # conversión de character a otro tipo
b

## [1] 1000 2013    0

class(b)

## [1] "numeric"

c <- as.logical(b)  # conversión a lógico
# 0 es FALSE y distinto de 0 es TRUE
c

## [1]  TRUE  TRUE FALSE
```

También, puede haber conversiones entre clases de datos más estructuradas. Una que se antoja inmediata es la conversión de una matriz a un *data frame*:

```
(m <- matrix(1:20, nrow = 5, ncol = 4))

##      [,1] [,2] [,3] [,4]
## [1,]    1    6   11   16
## [2,]    2    7   12   17
## [3,]    3    8   13   18
## [4,]    4    9   14   19
## [5,]    5   10   15   20

ff <- as.data.frame(m)
ff

##   V1 V2 V3 V4
## 1  1  6 11 16
## 2  2  7 12 17
## 3  3  8 13 18
## 4  4  9 14 19
## 5  5 10 15 20
```

Nótese, en este último caso, que la función de conversión automáticamente ha asignado nombres a los renglones y las columnas del *data frame* creado. Para tener acceso a los elementos del *data frame*, lo podemos hacer mediante los nombres asignados a las columnas:

```
ff$V2

## [1]  6  7  8  9 10
```

Existen muchas más conversiones posibles; pero baste por ahora con las que se han visto, que ellas dan una idea de los mecanismos usados en el lenguaje para este tipo de operaciones.

Capítulo 3

Acceso a porciones o subconjuntos de datos

Una de las riquezas del lenguaje R, es la posibilidad de extraer porciones o subconjuntos de los distintos tipos de datos, mediante mecanismos diversos, algunos de los cuales se revisarán en el presente capítulo.

En las secciones 2.2.4, 2.3.2, y 2.5.1, se ha introducido el tema del acceso a los elementos individuales de varios de los datos estructurados empleados en R. En el presente capítulo, se extenderá ese concepto para cubrir ya no solamente elementos individuales, sino también porciones o subconjuntos de los datos.

3.1. Los operadores de acceso o selección

Los operadores de acceso a los datos estructurados: vectores, matrices, factores, listas y *data frames*, son:

- `[]` . (Ejemplo: `mtx[2,3]`) Este operador siempre regresa un objeto de la misma clase que el original[1] y se puede emplear para seleccionar más de un elemento.
- `[[]]` . (Ejemplo: `ff[['Nombre']]`) Este operador se emplea para extraer elementos de una lista; esto incluye a los data frames que, como se ha dicho anteriormente, son un tipo particular de lista. Sólo permite la extracción o el acceso a un sólo elemento, aunque el elemento en sí mismo puede ser compuesto, y el objeto resultante no necesariamente es de la misma clase que la lista o *data frame* original.
- `$` . (Ejemplo: `ff$Nombre`) Este operador se emplea para extraer o acceder a los elementos de una lista o un *data frame*, a partir del nombre del elemento. Este operador hace más o menos lo mismo que el operador `[[]]`.

[1] Hay una excepción a esta regla, que se discutirá más adelante en la sección 3.2.2.2 en la página 55.

De los anteriores, el primer operador, `[]`, es quizá el más poderoso, pero, por lo mismo, también el que involucra una sintaxis más compleja, como se verá en la siguiente sección.

3.2. El operador `[]`

En el capítulo anterior se ha visto el uso de este operador para seleccionar o tener acceso a elementos individuales de distintos tipos de datos estructurados: vectores, matrices, factores, listas y *data frames*. Se visitarán nuevamente esos tipos de datos estructurados, pero para un uso más elaborado del operador.

3.2.1. Vectores y factores

Tanto los vectores como los factores son estructuras unidimensionales, de este modo, el uso del operador `[]` es semejante en ambos. Anteriormente se ha visto como seleccionar un elemento de ambas estructuras. Veremos ahora como seleccionar grupos de elementos.

3.2.1.1. Selección de una secuencia de elementos, o elementos particulares

Un ejemplo de selección de una secuencia de elementos contenida en un vector podría ser con una *indexación* como la que se muestra a continuación:

```
# P.ej. para un vector de 20 números aleatorios, generados
# con la función rnorm(), que genera números aleatorios con
# una distribución normal:
(v <- rnorm(20))

##  [1]  0.9681  0.8507 -1.7280 -1.3120 -1.2744 -0.9908 -1.1659
##  [8]  0.2992  1.1923  0.2267 -0.7172 -2.0667  0.7740 -1.1338
## [15]  1.2351  0.3551  0.1593  1.6532 -0.1528  1.0037

# Si queremos seleccionar de esos, sólo los números en las
# posiciones de la 5 a la 15:
(subv <- v[5:15])

##  [1] -1.2744 -0.9908 -1.1659  0.2992  1.1923  0.2267 -0.7172
##  [8] -2.0667  0.7740 -1.1338  1.2351
```

Nótese que efectivamente, como se ha dicho anteriormente, la clase de dato resultante de la operación es la misma que la de entrada, un vector numérico en este caso:

```
class(v)

## [1] "numeric"
```

```
class(subv)

## [1] "numeric"
```

El caso de los factores es similar. Se tomará un ejemplo introducido en la sección 2.4: un factor con ciertos meses de nacimiento:

```
(Fmes.nacimiento <- factor(c("Dic", "Feb", "Oct", "Mar", "Feb",
                    "Nov", "Abr", "Dic", "Feb", "Oct", "Dic"),
                    levels=c("Ene","Feb","Mar","Abr","May","Jun",
                     "Jul","Ago","Sep","Oct","Nov","Dic")))

##  [1] Dic Feb Oct Mar Feb Nov Abr Dic Feb Oct Dic
## 12 Levels: Ene Feb Mar Abr May Jun Jul Ago Sep Oct ... Dic
```

Si se quiere extraer de ahí solamente los elementos comprendidos entre el dos y el cinco, se hace así:

```
(sub.Fmes.nacimiento <- Fmes.nacimiento[2:5])

## [1] Feb Oct Mar Feb
## 12 Levels: Ene Feb Mar Abr May Jun Jul Ago Sep Oct ... Dic
```

Nótese que la salida sigue siendo un factor, con los mismos `Levels` (niveles), que el factor original, pero recortado de acuerdo con la operación indicada en el operador.

Recuérdese que el código `2:5`, en realidad es un vector entero, a saber: `2, 3, 4, 5`; se antoja entonces natural extender la *indexación*, al uso de vectores de enteros arbitrarios. Esto es, para seleccionar subconjuntos arbitrarios de los vectores o factores originales. Así por ejemplo, para seleccionar los elementos, 2, 3, y del 5 al 8, tanto en el vector como en el factor de los ejemplos anteriores, se puede hacer de la siguiente manera:

```
(sub1.v <- v[c(2, 3, 5:8)])

## [1]  0.8507 -1.7280 -1.2744 -0.9908 -1.1659  0.2992

(sub1.Fmes.nacimiento <- Fmes.nacimiento[c(2, 3, 5:8)])

## [1] Feb Oct Feb Nov Abr Dic
## 12 Levels: Ene Feb Mar Abr May Jun Jul Ago Sep Oct ... Dic
```

Por otra parte, en esta mismo tema, los índices negativos, tienen el significado de excluir los elementos señalados por el índice. Así, el complemento de los subconjuntos anteriores se puede obtener así:

```
(sub2.v <- v[-c(2, 3, 5:8)])

##  [1]  0.9681 -1.3120  1.1923  0.2267 -0.7172 -2.0667  0.7740
##  [8] -1.1338  1.2351  0.3551  0.1593  1.6532 -0.1528  1.0037

(sub2.Fmes.nacimiento <- Fmes.nacimiento[-c(2, 3, 5:8)])

## [1] Dic Mar Feb Oct Dic
## 12 Levels: Ene Feb Mar Abr May Jun Jul Ago Sep Oct ... Dic
```

3.2.1.2. Selección de elementos de acuerdo con una condición

En la sección 2.2.5 en la página 23, se han introducido los operadores lógicos. Haciendo uso de esa noción, se puede por ejemplo, distinguir en el vector v, los elementos negativos de aquellos que no lo son, obteniendo un vector de lógicos, de la siguiente manera:

```
v < 0

##  [1] FALSE FALSE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE FALSE FALSE
## [10] FALSE  TRUE  TRUE FALSE  TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE
## [19]  TRUE FALSE
```

Surge la pregunta: ¿cómo se pueden extraer, con esta información, los elementos negativos o los positivos del vector original? El lenguaje permite utilizar como índice del operador `[]`, un vector de lógicos en el que se obtendrá como salida un vector compuesto de los elementos cuyo índice sea `TRUE`. Entonces, la respuesta a la pregunta original se puede dar de las siguientes maneras:

```
# Los negativos:
v[v < 0]

## [1] -1.7280 -1.3120 -1.2744 -0.9908 -1.1659 -0.7172 -2.0667
## [8] -1.1338 -0.1528

# Primera forma de obtener los positivos, mediante la
# negacion lógica, con el operador !
v[!(v < 0)]

##  [1] 0.9681 0.8507 0.2992 1.1923 0.2267 0.7740 1.2351 0.3551
##  [9] 0.1593 1.6532 1.0037

# Segunda forma de obtener los positivos, mediante el
# operador >=
v[v >= 0]

##  [1] 0.9681 0.8507 0.2992 1.1923 0.2267 0.7740 1.2351 0.3551
##  [9] 0.1593 1.6532 1.0037
```

Para factores solo la operaciones lógicas para probar la igualdad o desigualdad tienen significado:

```
Fmes.nacimiento == "Mar"  # igualdad

##  [1] FALSE FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
## [10] FALSE FALSE

Fmes.nacimiento != "Mar"  # desigualdad

##  [1]  TRUE  TRUE  TRUE FALSE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE
## [10]  TRUE  TRUE
```

No obstante, dado que, como se ha señalado en la sección 2.4.1, los factores tienen implícito un vector de enteros, que indexan el orden establecido por los `Levels` (niveles) del factor, se puede usar ese hecho para descubrir, en el caso de ejemplo, cuáles son los meses menores o iguales que ''`Abr`'' (número de orden 4, en `Levels`), de la siguiente manera:

```
# El factor convertido a enteros:
as.integer(Fmes.nacimiento)

##  [1] 12  2 10  3  2 11  4 12  2 10 12

# El vector de logicos:
as.integer(Fmes.nacimiento) <= 4

##  [1] FALSE  TRUE FALSE  TRUE  TRUE FALSE  TRUE FALSE  TRUE
## [10] FALSE FALSE

# .. y usado como indice:
Fmes.nacimiento[as.integer(Fmes.nacimiento) <= 4]

## [1] Feb Mar Feb Abr Feb
## 12 Levels: Ene Feb Mar Abr May Jun Jul Ago Sep Oct ... Dic
```

Una nota importante es que los operadores de selección no solamente se usan para consultar los valores, sino que también se pueden emplear para cambiar los valores de los elementos seleccionados mediante el operador. Así por ejemplo, podríamos cambiar cada uno los elementos negativos del vector `v`, a su correspondiente positivo, mediante la siguiente asignación:

```
v[v < 0] <- -v[v < 0]
# .. y el vector v ahora es:
v

##  [1] 0.9681 0.8507 1.7280 1.3120 1.2744 0.9908 1.1659 0.2992
```

```
##  [9] 1.1923 0.2267 0.7172 2.0667 0.7740 1.1338 1.2351 0.3551
## [17] 0.1593 1.6532 0.1528 1.0037
```

3.2.2. Matrices y *data frames*

Las matrices y los *data frames*, son estructuras bidimensionales; es decir, tienen renglones y columnas, y por consiguiente, su comportamiento bajo el operador `[]` es similar. Como se ha visto en el capítulo 2, el acceso a los elementos individuales a estas dos estructuras consta de dos índices, separados por una coma, en el operador, así: `x[i, j]`; donde, `x`, es la estructura en cuestión, `i`, representa el número o identificador[2] de renglón y `j`, el número o identificador de columna.

Para las explicaciones y ejemplos que siguen se usarán las matrices y *data frames* que se generan a continuación:

```
(mt <- matrix(11:30, nrow = 4, ncol = 5))
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## [1,]   11   15   19   23   27
## [2,]   12   16   20   24   28
## [3,]   13   17   21   25   29
## [4,]   14   18   22   26   30
```

```
# Se convierte la matriz a un data frame:
df.mt <- as.data.frame(mt)

# Se le asignan nombres a renglones y columnas de df.mt
rownames(df.mt) <- c("uno", "dos", "tres", "cuatro")
colnames(df.mt) <- c("UNO", "DOS", "TRES", "CUATRO", "CINCO")
df.mt
```

```
##        UNO DOS TRES CUATRO CINCO
## uno     11  15   19     23    27
## dos     12  16   20     24    28
## tres    13  17   21     25    29
## cuatro  14  18   22     26    30
```

3.2.2.1. El operador `[]` con un solo índice

Tanto para matrices como para *data frames*, el lenguaje permite utilizar el operador `[]` con un solo índice, si bien el significado es diferente para cada uno de los casos. En el caso de las matrices el uso de un solo índice, provoca

[2]Recuérdese que tanto los renglones como las columnas pueden tener nombres y que éstos pueden ser utilizados en vez de los índices numéricos correspondientes (cf. p. 29).

el tratamiento de la matriz como si fuera un vector constituido por la concatenación de sus columnas y el índice provisto se referirá entonces al elemento correspondiente a esa posición en el vector, mientras que en el caso de los *data frames*, dado que éstos son listas cuyos elementos son las columnas, ese uso del operador invoca justamente ese tratamiento; esto es, la operación regresará la columna correspondiente al índice dado. Veamos sendos ejemplos de esta operación:

```
# La matriz con índice 5
mt[5]

## [1] 15

# El data frame con índice 5
df.mt[5]

##        CINCO
## uno       27
## dos       28
## tres      29
## cuatro    30
```

3.2.2.2. Omisión de índices en el operador

El caso anterior no se debe confundir con la omisión de índices en el operador, ya que en este caso, el operador, mediante una coma señala el espacio para dos índices, uno de los cuales se omite. Aquí, la semántica del operador es similar para matrices y para *data frames*, ya que en ambos casos, el operador regresa, o bien renglones, o bien columnas, de la estructura sobre la cual se opera. Veamos unos ejemplos:

```
# El tercer renglón:
mt[3, ]

## [1] 13 17 21 25 29

df.mt[3, ]

##      UNO DOS TRES CUATRO CINCO
## tres  13  17   21     25    29

# La tercer columna:
mt[, 3]

## [1] 19 20 21 22

df.mt[, 3]

## [1] 19 20 21 22
```

Se había dicho en la sección 3.1 en la página 48 que el operador `[]`, *siempre* regresa un objeto del mismo de la misma clase que el original. Los ejemplos anteriores manifiestan una excepción a esta regla, ya que:

```
class(mt[3, ])

## [1] "integer"

class(df.mt[3, ])  # sólo en este caso se cumple

## [1] "data.frame"

class(mt[, 3])

## [1] "integer"

class(df.mt[, 3])

## [1] "integer"
```

El lenguaje tiende a simplificar, cuando puede, a la clase más básica de dato, es decir, a vector; lo que podría resultar útil en algunos casos, pero que, en otros casos, podría complicar la programación. Este *extraño* comportamiento, no ortogonal[3], sin embargo, se puede modificar mediante la opción `drop=FALSE`, al usar el operador, como se muestra a continuación:

```
# El tercer renglón:
mt[3, , drop = FALSE]

##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## [1,]   13   17   21   25   29

class(mt[3, , drop = FALSE])

## [1] "matrix"

df.mt[3, , drop = FALSE]

##      UNO DOS TRES CUATRO CINCO
## tres  13  17   21     25    29

class(df.mt[3, , drop = FALSE])

## [1] "data.frame"
```

[3]En el argot computacional el término *ortogonal* se refiere a que a una misma estructura sintáctica le corresponde una misma estructura semántica o de significado. Esto quiere decir que el operador se comportaría uniformemente, entregando el mismo tipo de resultados, para una misma sintaxis.

```
# La tercer columna:
mt[, 3, drop = FALSE]

##      [,1]
## [1,]   19
## [2,]   20
## [3,]   21
## [4,]   22

class(mt[, 3, drop = FALSE])

## [1] "matrix"

df.mt[, 3, drop = FALSE]

##        TRES
## uno      19
## dos      20
## tres     21
## cuatro   22

class(df.mt[, 3, drop = FALSE])

## [1] "data.frame"
```

En este mismo tema, el operador permite la selección simultánea de varios renglones o varias columnas. A continuación se muestra el caso de varias columnas, y, dado que es muy similar, se deja al lector investigar cuál sería la forma de seleccionar varios renglones.

```
# Selección de las columnas 4,3,2, en ese orden:
mt[, 4:2]

##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]   23   19   15
## [2,]   24   20   16
## [3,]   25   21   17
## [4,]   26   22   18

df.mt[, 4:2]

##        CUATRO TRES DOS
## uno        23   19  15
## dos        24   20  16
## tres       25   21  17
## cuatro     26   22  18
```

Nótese que en el caso de múltiples columnas o renglones, dado que en su conjunto no pueden ser simplificados a vectores, el comportamiento del operador `[]`, es ortogonal y obedece a la regla de entregar siempre un objeto de la misma clase que el original.

Los mecanismos que habilita el operador `[]` y que se han descrito aquí, también permiten la selección de una *ventana* en en interior de ambas estructuras.

```
mt[1:3, 4:2]

##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]   23   19   15
## [2,]   24   20   16
## [3,]   25   21   17

df.mt[1:3, 4:2]

##      CUATRO TRES DOS
## uno      23   19  15
## dos      24   20  16
## tres     25   21  17
```

En este caso, como en el ejemplo anterior, se ha cambiado el orden de la secuencia de columnas en la *ventana* resultante, lo que, por cierto, resulta más evidente en el caso del *data frame* por el uso de nombres tanto para columnas como para renglones[4].

3.2.2.3. El uso de índices lógicos o condiciones

Al igual que en el caso de los vectores y los factores, este operador admite índices de tipo lógico, que resultan de la expresión de condiciones, que pueden ser tan complicadas como se quiera. Se verán aquí algunos ejemplos sencillos tanto para el caso de matrices como para el caso de *data frames*.

En la matriz y el data frame del ejemplo anterior, el segundo renglón se puede obtener fácilmente de la siguiente manera:

```
mt[2, ]

## [1] 12 16 20 24 28

df.mt[2, ]

##     UNO DOS TRES CUATRO CINCO
## dos  12  16   20     24    28
```

[4]Esto no tiene que ver con la clase del objeto, sino con el hecho de que no se han asignado nombres ni a los renglones, ni a las columnas de la matriz `mt`, en el caso del ejemplo.

Ahora, supóngase que se quiere obtener ese mismo renglón, pero basado en el hecho de que el valor en la columna 2 es 16. Esto es: obtener el renglón, o renglones, cuyo valor en la columna 2 es 16. Primeramente, obsérvese que todos los valores en la columna 2 de la matriz o del *data frame*, se pueden comparar contra el valor 16, de la siguientes maneras:

```
mt[, 2] == 16

## [1] FALSE  TRUE FALSE FALSE

df.mt[, 2] == 16

## [1] FALSE  TRUE FALSE FALSE
```

Como se puede ver el resultado es un vector de lógicos, cada uno de los cuales corresponde a la comparación por igualdad de cada uno de los elementos en la columna dos contra el valor 16; esto es, en *cada uno de los renglones* de esa columna. Esta comparación se puede utilizar como índice en el espacio correspondiente a los renglones en el operador `[]`, para obtener los renglones que cumplen con la condición establecida. En este caso el arreglo de lógicos resultante de la condición actúa como una máscara o un filtro que sólo deja *pasar*, del la matriz, aquellos elementos para los cuales hay un valor `TRUE`, como se muestra a continuación:

```
# Se usan paréntesis, (), para enfatizar la condición, aunque
# se podría prescindir de ellos:
mt[(mt[, 2] == 16), ]

## [1] 12 16 20 24 28

df.mt[(df.mt[, 2] == 16), ]

##     UNO DOS TRES CUATRO CINCO
## dos  12  16   20     24    28

# En el caso de la matriz, si se quiere obtener como salida
# una matriz (de un solo renglón), se hace así:
mt[(mt[, 2] == 16), , drop = FALSE]

##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## [1,]   12   16   20   24   28
```

Modifiquemos ahora la matriz y el *data frame*, para tener más de un renglón que cumple con esta condición:

```
mt[4, 2] <- 16L
df.mt[4, 2] <- 16L
mt  # (El data frame es semejante)
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## [1,]   11   15   19   23   27
## [2,]   12   16   20   24   28
## [3,]   13   17   21   25   29
## [4,]   14   16   22   26   30
```

Y ahora, si se aplica nuevamente la operación de prueba, lo que se obtiene es un conjunto de renglones:

```
mt[(mt[, 2] == 16), ]

##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## [1,]   12   16   20   24   28
## [2,]   14   16   22   26   30

df.mt[(df.mt[, 2] == 16), ]

##        UNO DOS TRES CUATRO CINCO
## dos     12  16   20     24    28
## cuatro  14  16   22     26    30
```

Las expresiones o pruebas lógicas usadas como índices pueden ser más complejas si se quiere. Supongamos que se quiere obtener, todas las columnas que en su renglón 2 no son múltiplos de 8; esto se hace como se muestra en seguida.

```
# La prueba lógica hace uso del operador módulo o residuo: %%
mt[2, ]%%8 != 0  # (Para el data frame es semejante)

## [1]  TRUE FALSE  TRUE FALSE  TRUE

# Ahora usemos la expresión como índice:
mt[, (mt[2, ]%%8 != 0)]

##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]   11   19   27
## [2,]   12   20   28
## [3,]   13   21   29
## [4,]   14   22   30

df.mt[, (df.mt[2, ]%%8 != 0)]

##        UNO TRES CINCO
## uno     11   19    27
## dos     12   20    28
## tres    13   21    29
## cuatro  14   22    30
```

El uso y el potencial que este tipo de operaciones pueden tener en la práctica, es algo que sin duda sólo tiene como límite la imaginación del programador o usuario del lenguaje, y que definitivamente cae dentro de lo que en este libro se llama *el arte de programar en R*.

3.3. Los operadores `[[]]` y `$`

Los operadores `[[]]` y `$`, son más o menos semejantes, aunque éste último limita su aplicación a las listas y, por consiguiente, también a los *data frames*. Estos operadores establecen formas de tener acceso a los elementos de las distintas estructuras mediante los nombres o identificadores asignados a esos elementos. Si bien es cierto que el operador `[]`, admite también nombres de los elementos como índices, como se ha mostrado en la sección 2.2.4 en la página 21, los operadores discutidos en esta sección habilitan formas más flexibles de tener acceso a los elementos de las estructuras mediante sus nombres, amén de que ese acceso va a un nivel más *profundo*. Para comprender esto, piénsese en el siguiente símil: sea la estructura sobre la que actúan los operadores como una bodega que contiene cajas, que a su vez contienen distintos objetos. En general, el operador `[]`, podría considerarse como un dispositivo que *mueve* algunas de las cajas a otra, por así decirlo, *sub-bodega* o bodega *más pequeña*, y ese sería el resultado de la operación; es decir, entrega la *sub-bodega* con las cajas seleccionadas, mientras que los otros operadores entregan las cajas o incluso el contenido de éstas.

A manera de comparación, se dotará a la matriz `mt`, utilizada anteriormente, de nombres para sus columnas y renglones:

```
rownames(mt) <- c("uno", "dos", "tres", "cuatro")
colnames(mt) <- c("UNO", "DOS", "TRES", "CUATRO", "CINCO")
mt

##        UNO DOS TRES CUATRO CINCO
## uno     11  15   19     23    27
## dos     12  16   20     24    28
## tres    13  17   21     25    29
## cuatro  14  16   22     26    30
```

Aquí, el acceso a renglones y columnas por nombres, mediante el operador `[]`, da resultados *semejantes* tanto en matrices como en *data frames*:

```
mt[, "TRES"]

##    uno    dos   tres cuatro
##     19     20     21     22

df.mt[, "TRES"]
```

```
## [1] 19 20 21 22

mt["dos", ]

##    UNO    DOS   TRES CUATRO  CINCO
##     12     16     20     24     28

df.mt["dos", ]

##     UNO DOS TRES CUATRO CINCO
## dos  12  16   20     24    28

# Para comparación con el operador [[]]
mt["dos", "TRES", drop = F]

##     TRES
## dos   20

class(mt["dos", "TRES", drop = F])  # La clase del objeto

## [1] "matrix"

df.mt["dos", "TRES", drop = F]  # F es lo mismo que FALSE

##     TRES
## dos   20

class(df.mt["dos", "TRES", drop = F])  # La clase del objeto

## [1] "data.frame"
```

Como se ha dicho anteriormente, un *data frame* es una lista muy particular, cuyos componentes son las columnas del *data frame*, mismas que siempre tienen la misma longitud, y que en el caso del ejemplo, `df.mt`, es exactamente 4. De este modo, lo que se diga aquí para los *data frames*, con referencia a los operadores estudiados, en general es también válido para las listas.

El operador `[[]]`, permite el acceso a esos componentes, ya sea mediante índices numéricos o los nombres provistos a los elementos de las estructuras. Así, para los dos últimos casos mostrados anteriormente:

```
mt[[2, 3]]

## [1] 20

mt[["dos", "TRES"]]

## [1] 20

class(mt[["dos", "TRES"]])
```

```
## [1] "integer"

df.mt[[2, 3]]

## [1] 20

class(df.mt[[2, 3]])

## [1] "integer"

df.mt[["dos", "TRES"]]

## [1] 20
```

Nótese que a diferencia con el operador `[]`, el operador `[[]]`, no entrega en ni una matriz, ni un data frame, sino un vector entero de un solo elemento, en este caso. Compárese con los dos últimos casos del ejemplo anterior.

Otra diferencia importante de este operador es que no admite ni rangos, ni conjuntos de índices; esto es, para cada espacio en el operador sólo admite ya sea un índice entero o una cadena de caracteres que identifica el nombre de algún elemento de la estructura sobre la que opera.

El operador `$`, es semejante pero sólo actúa sobre la estructura unidimensional de una lista o de un *data frame*. La diferencia de este operador con el operador `[[]]`, es que los nombres de los elementos no necesitan ir entrecomillados, y pueden estar incompletos, cuando no hay ambigüedad en la identificación de los elementos a los cuales se refieren. Esta característica resulta más útil cuando se trabaja con el lenguaje directamente desde la consola, o sea, interactivamente, ya que puede representar alguna economía en la escritura de las expresiones.

```
df.mt[["TRES"]]

## [1] 19 20 21 22

df.mt$TRES

## [1] 19 20 21 22

df.mt$"TRES"

## [1] 19 20 21 22

df.mt$T

## [1] 19 20 21 22
```

Nótese que en el código anterior, el intérprete del lenguaje se ha *quejado* emitiendo un "*Warning*", que no representa ningún problema, ya que sólo in-

forma que se ha hecho una identificación con un nombre incompleto.

El operador `[[]]`, también admite nombres incompletos, pero ese comportamiento tiene que ser señalado explícitamente por medio de la opción `exact = FALSE`, en el operador:

```
df.mt[["TR", exact = F]]  # Recuerde F es FALSE

## [1] 19 20 21 22
```

La riqueza en el uso de estos operadores se irá descubriendo a medida que se incorporen otras características del lenguaje que se estudiarán en los capítulos siguientes.

Capítulo 4

Estructuras de control y manejo de datos

En los lenguajes de programación, se entiende por estructuras de control aquellas construcciones sintácticas del lenguaje que dirigen el flujo de la ejecución de un programa en *una dirección* o en otra dentro de su código. Por ejemplo, prácticamente todos los lenguajes tienen una construcción "IF", que permite ejecutar o saltar un conjunto, bloque o secuencia de instrucciones dentro del código de un programa. R también cuenta con un conjunto de estructuras de control, si bien, mucho de lo que éstas implementan se puede también hacer mediante

4.1. La construcciones IF-ELSE

Estas construcciones son semejantes a las de otros lenguajes de programación, con una salvedad que puede ser capitalizada por los usuarios del lenguaje: la construcción en sí misma regresa un valor, que puede, si se quiere, ser asignado a una variable o utilizado de otras maneras. Los siguientes ejemplos muestran la sintaxis y el uso de estas construcciones.

```
aa <- 15
if (aa > 14) # if sin else
  print("SI MAYOR")

## [1] "SI MAYOR"

if (aa > 14) print ("SI MAYOR")

## [1] "SI MAYOR"

if (aa > 14) { # Instrucción compuesta
```

```
  print ("PRIMER RENGLON")
  print ("SI MAYOR")
}

## [1] "PRIMER RENGLON"
## [1] "SI MAYOR"

# Usando el valor que regresa el if
y <- 10
y <- if (aa > 14) 50
y

## [1] 50
```

La construcción IF admite una sola expresión, pero ésta puede ser la expresión compuesta, que se construye mediante los paréntesis de llave `{ }`, y las expresiones en su interior, separadas ya sea por el cambio de renglón o por `';'`. En los casos anteriores, la expresión señalada por el `if` se ejecuta u omite dependiendo del valor de la condición, `TRUE` o `FALSE`, respectivamente. En el caso del ejemplo la condición esta dada por la expresión `aa > 14`, que prueba si la variable `aa` es mayor que `14`. La siguientes construcciones, redirigen la ejecución del código a distintos bloques o conjuntos de instrucciones dependiendo de que se cumplan o no las condiciones establecidas:

```
if (10 > aa) { # 1er. bloque
    print("RANGO MENOR")
} else if ( 10 <= aa && aa <= 20) { # 2o. bloque
    print("primer renglon"); print("RANGO MEDIO")
} else { # 3er. bloque
    print("RANGO MAYOR")
}

## [1] "primer renglon"
## [1] "RANGO MEDIO"
```

Nótese que el segundo bloque de expresiones en el ejemplo, es una expresión compuesta de dos expresiones; pero como ellas se han dado en un solo renglón se han separado mediante el carácter `;`. La condición que da lugar a este mismo bloque de expresiones, introduce dos nuevos operadores: `<=` y `&&`; el primero de ellos es el operador de comparación *menor o igual que* y el segundo es el operador lógico *and*. Entonces la condición es equivalente a la expresión matemática: $10 \leq \texttt{aa} \leq 20$[1]. Finalmente, el tercer y último bloque de expresiones, se ejecuta en caso de que ninguna de las condiciones correspondientes a los otros dos bloques se haya satisfecho.

[1]Si desea saber más acerca de los distintos operadores disponibles en el lenguaje, introduzca '??operator' en la consola del intérprete del lenguaje

4.2. Los ciclos

El lenguaje cuenta con varios tipos de ciclos o repeticiones, a saber: repeticiones por un número determinado de veces, repeticiones mientras se cumple una condición y repeticiones *infinitas*. En seguida se discutirá cada uno de estos casos.

4.2.1. Repeticiones por un número determinado de veces

La construcción que habilita esta operación es la instrucción `for`. El número de veces que se repite la expresión o expresiones englobadas en la instrucción, puede estar explícita en ella misma, como se muestra a continuación:

```
letras <- c("c", "l", "i", "M", "T", "A")
for (i in 1:6) {
    print(letras[i])
}

## [1] "c"
## [1] "l"
## [1] "i"
## [1] "M"
## [1] "T"
## [1] "A"
```

El número de veces que se repite la expresión, puede quedar implícito en las estructuras de las cuales toma elementos el `for`. Así, el mismo resultado que se obtuvo en el ejemplo anterior, se puede obtener con cualquiera de las siguientes dos construcciones:

```
for (i in seq_along(letras)) {
    print(letras[i])
}

for (letra in letras) {
    print(letra)
}
```

En el primer caso se llamó a la función `seq_along()`, que genera una secuencia de enteros de acuerdo con el número de elementos que tenga el objeto que se le de como argumento. El segundo caso, tipifica la esencia de la construcción `for`, ya que se trata de ir tomando uno a uno los elementos del objeto consignado después de la partícula `in` del `for`.

4.2.2. Repeticiones mientras se cumple una condición

La construcción que habilita esta operación es la instrucción `while`, que se puede ejemplificar como sigue:

```
# Para la misma tarea de los ejemplos anteriores
i <- 1
while (i <= 6) {
    print(letras[i])
    i <- i + 1
}
```

La salida de este ejemplo es la misma que la de los ejemplos anteriores. En este caso, si no se tiene cuidado en el manejo del índice `i`, involucrado en la condición, se puede dar lugar a un ciclo sin salida.

4.2.3. Repeticiones *infinitas*

La construcción que habilita esta operación es la instrucción `repeat`. Aunque en realidad no se quiere significar que las repeticiones sean infinitas o interminables, como la instrucción no tiene condición de salida o interrupción, el resultado que la instrucción produciría en sí misma sería una repetición interminable; pero, el lenguaje provee facilidades para que desde el interior del bloque de expresiones que se repiten, se obligue la interrupción del ciclo, por ejemplo, mediante la instrucción `break`, que se detalla más adelante. Así, para producir los mismos resultados que en los ejemplos anteriores, se puede hacer así:

```
i <- 1
repeat {
    print(letras[i])
    i <- i + 1
    if (i > 6)
        break
}
```

En este caso, mediante un `if` que prueba una condición de salida, se *dispara* una instrucción `break` que interrumpe el ciclo.

4.2.4. Interrupciones del flujo normal de los ciclos

El flujo normal de los ciclos se puede interrumpir básicamente por medio de tres instrucciones diferentes: `break`, `next` y `return`.

En el último ejemplo de la sección anterior, 4.2.3, se ha utilizado la instrucción `break` para obligar la salida de un ciclo infinito que se realiza mediante la instrucción `repeat`. No es éste, sin embargo, el único ciclo que puede interrumpir la instrucción `break`, ya que ella se puede utilizar en el interior de cualquier

ciclo para forzar su interrupción. Como un ejemplo, se presenta un ciclo en que simula lo que podría ser un procedimiento iterativo para encontrar el valor de una variable, cuyo valor converge hacia un cierto valor con cada nueva iteración. Para no caer en ciclos verdaderamente infinitos, este tipo de procedimientos limitan el número de iteraciones a un valor suficientemente grande, lo que aquí se hace mediante una instrucción `for` limitada a 1000 repeticiones:

```
# se usará un generador de números aleatorios,
# la siguiente función asegura su repetibilidad:
set.seed(140) # el argumento puede ser cualquier número
aprox <- 0.003 # Valor determinante para la salida del ciclo

Y_ini <- 2.7 # Supuesto valor inicial de Y
for (iter in 1:1000) { # aseguro no más de 1000 iteraciones
    # Procedimiento para calcular la siguiente Y, que
    # en este caso simularemos mediante generador aleatorio:
    Y <- Y_ini + 0.008*rnorm(1)
    # La condición de salida:
    if (abs(Y - Y_ini) <= aprox)
        break # Uso del break para salir del ciclo
    # Preparamos para la siguiente iteración
    Y_ini <- Y
}
# Veamos que ha resultado:
paste0("Y_ini: ", Y_ini, ", Y: ", Y, ", Num.iter: ", iter)

## [1] "Y_ini: 2.76443400590741, Y: 2.76582777768031, Num.iter: 8"
```

En este ejemplo, el objetivo se ha alcanzado en 8 iteraciones. Se ha utilizado la función `abs()`, que entrega el valor absoluto de su argumento, y se ha utilizado un generador de números aleatorios con distribución normal, implementado mediante la función `rnorm()`, que se inicializa mediante la función `set.seed()`[2].

Un caso parecido de salida o interrupción de un ciclo es la instrucción `return`. Esta instrucción está asociada con las funciones y su propósito es interrumpir u obligar la salida de la función en la cuál se invoca, entregando, opcionalmente, como resultado de la función un valor si se da como argumento del `return`. De esta manera, la interrupción de un ciclo es realmente colateral, pero igualmente efectiva, solamente que la salida de ciclo no es exactamente *afuera* de él, sino *afuera* de la ejecución de la función en la que se ha invocado. Como un ejemplo, se creará y ejecutará una función: la función generadora de

[2]Tal como se ha llamado en el ejemplo, la función rnorm(), entregará valores que tendrán un valor medio 0, un gran porcentaje de los cuáles (68 %) estará entre -1 y 1. Para mayor información sobre estas funciones, introduzca "?rnorm" y "?set.seed", en la consola de su intérprete de R. En el caso del ejemplo, la convergencia está simulada por el hecho de que la media de los números aleatorios es precisamente 0; entonces el incremento entre un valor y el siguiente tenderá a ser 0.

los números de fibbonacci, que, tenidos o dados los dos primeros números de fibbonacci, F_0 y F_1, definidos ambos como 1, calcula cada uno de los siguientes como la suma de los dos anteriores.

```
# Primero se crea la función:
fibbonacci <- function(n) {
    if (n %in% c(0,1))
        return (1)

    F0 <- 1; F1 <- 1; i <- 2
    repeat {
        s <- F0 + F1 # Suma de los fib anteriores
        if (i == n) # Ya es el que se busca
            return (s) # Sale hasta afuera de la función

        # recorremos los últimos dos próximos números
        F0 <- F1
        F1 <- s
        i <- i+1 # incrementamos el índice
    }
}

# El octavo número de fibbonacci se genera
# llamando a la función así:
fibbonacci(8)

## [1] 34
```

Esta función utiliza el operador `%in%`, que identifica si un cierto elemento está dentro de un conjunto representado por un vector[3]. La instrucción `return`, es una función primitiva que termina la ejecución de una función y entrega como resultado de la función el argumento que se le pase. En el caso del ejemplo, se ha usado dos veces: la primera, simplemente detecta si el argumento es `0` o `1`, en cuyo caso termina la función y entrega `1` como resultado; la segunda vez, que es la que nos interesa, se usa dentro de la instrucción `repeat` para determinar si ya se ha llegado al número fibbonacci correspondiente, en cuyo caso termina allí la función y entrega como resultado el número correspondiente.

La instrucción `next` interrumpe el flujo normal de ejecución de un programa de una manera diferente: en vez de salir de un ciclo, solamente impide la ejecución de las instrucciones *siguientes* y regresa al principio del ciclo para ejecutar la siguiente iteración. El siguiente ejemplo ilustra esta operación:

[3]En realidad este operador puede emplearse para probar si cada uno de los elementos de un vector, están contenidos en el conjunto representado por otro vector; por ejemplo: `c(2,3,4) %in% c(2,4,6,8,10)`, entregaría, `TRUE FALSE TRUE`.

```
for (i in 1:7) {
    if (3 <= i && i <= 5)
        next
    print(i)
}

## [1] 1
## [1] 2
## [1] 6
## [1] 7
```

Hasta aquí, se han visto diferentes estructuras de control que, al igual que otros lenguajes de programación, permiten definir el flujo de ejecución de las instrucciones de algún programa. A través de estas estructuras de control se pueden manipular los elementos de las clases de datos compuestas. La riqueza de este lenguaje, sin embargo, está en el manejo de cada una de las distintas estructuras de información, implementadas a través de las clases de datos estructuradas, como vectores, factores, *data frames*, etc., como un todo a través de funciones que las contemplan de esa manera. Este es el tema que se desarrollará en las siguientes secciones.

4.3. Funciones de clasificación, transformación y agregación de datos

En R hay diversas funciones que permiten atravesar las estructuras de información compuestas, ejecutando operaciones sobre los elementos o componentes de éstas.

4.3.1. Motivación

Para comprender mejor las funciones de transformación, clasificación y agregación de datos, se proponen aquí unos ejemplos sencillos: el cálculo del módulo o magnitud de un vector de números reales y el cálculo del promedio, o media, de un conjunto de datos provistos como un vector numérico.

En el primer caso, recuérdese que dado un vector n-dimensional:

$$\mathbf{v} = \langle v_1, v_2, \ldots, v_n \rangle,$$

su módulo o magnitud está dado por:

$$|\mathbf{v}| = \sqrt{\sum_{i=1}^{n} v_i^2}$$

Dadas las estructuras de control aprendidas previamente, y sabiendo que el operador `^`, sirve para elevar a una potencia dada y la función `sqrt()`, extrae la

raíz cuadrada, la tentación inmediata es resolver esta operación como se hace en la mayoría de los lenguajes *procedurales*:

```
# Sea el vector:
vv <- c(-2, 3, 4)
# Se creará una función que haga el trabajo
modulo <- function(v) {
    s <- 0  # Contendrá la suma de cuadrados
    for (elt_v in v) {
        s <- s + elt_v^2  # Incrementamos la suma
    }
    # El resultado es la raíz de la suma:
    sqrt(s)
}
# y el módulo que queremos es:
modulo(vv)

## [1] 5.385
```

En la sección 2.2.5, sin embargo, se aprendió que las operaciones aritméticas se pueden distribuir a lo largo de los elementos de un vector, y esta es una característica del lenguaje de la que se puede sacar provecho en este momento; recurriendo adicionalmente a la función de agregación `sum()`, que toma como argumento un vector y suma uno a uno sus elementos y entrega esa suma como resultado. Entonces en R, la función `modulo()`, se puede programar así:

```
modulo0 <- function(v) {
    sqrt(sum(v^2))
}
# Puede quedar en una línea, así:
modulo0 <- function(v) sqrt(sum(v^2))
# y la utilizamos igual:
modulo0(vv)

## [1] 5.385
```

Nótese cómo, de manera admirable, esta forma de programación se apega mucho más a la fórmula matemática mostrada previamente.

El problema de la media de los valores en un vector numérico es incluso más sencillo. Para el mismo vector, $\mathbf{v}$, definido con anterioridad, la siguiente fórmula sirve para obtener la media:

$$\bar{v} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} v_i$$

En un lenguaje de programación usual, esto se haría más o menos así:

```
# Primeramente construyamos un vector con elementos numéricos
# arbitrarios, con un generador de números aleatorios
# (distribución uniforme), entre 10.5 y 40.8, generamos 32
# números, así:
nums <- runif(32, 10.5, 40.8)
suma <- 0  # Iniciamos la suma como cero
for (elt in nums) {
    suma <- suma + elt  # se agrega cada elemento
}
# Se calcula e imprime el promedio
(promedio <- suma/length(nums))

## [1] 28.66
```

Esta misma operación se puede hacer con la función de agregación `sum()`, cuyo funcionamiento se explicó anteriormente:

```
(promedio <- sum(nums)/length(nums))

## [1] 28.66

# Podemos convertir estas operaciones en una función, así:
haz_promedio <- function(v) {
    sum(v)/length(v)
}
# o en una sola línea:
haz_promedio <- function(v) sum(v)/length(v)
# Y llamamos a la función:
haz_promedio(nums)

## [1] 28.66
```

Desde luego que un lenguaje como R, cuenta ya con una función que permite hacer este cálculo en un solo *disparo*: la función `mean()`.

```
mean(nums)

## [1] 28.66
```

La función `sum()` es un ejemplo de funciones que toman un objeto estructurado de R y operan sobre los elementos de éste. Otro ejemplo es la función `prod()`, cuya operación es similar a la anterior pero usando la multiplicación en vez de la suma. La pregunta inmediata que surge aquí es si existe en el lenguaje alguna función que permita construir funciones de este tipo pero para cualquier operador o función, y la respuesta es que sí: la función `Reduce()` tiene precisamente este propósito. En seguida se muestra como se reprograma-

rían las funciones `sum()` y `prod()`, por medio de `Reduce()`[4]:

```
miSum <- function(v) Reduce("+", v)
miProd <- function(v) Reduce("*", v)
# Para comparar:
prod(vv)

## [1] -24

miProd(vv)

## [1] -24
```

La aplicación de la función Reduce(), no está limitada a operadores, de hecho, la operación puede estar definida por cualquier función de dos argumentos, y, opcionalmente, puede además entregar el arreglo de resultados parciales, cada vez que se aplica la operación. Veamos el siguiente ejemplo:

```
mif <- function(a, b) {
    return(a * b/(a + b))
}
#
miOp <- function(v) Reduce(mif, v)  # Note: mif va sin comillas
# Apliquemos:
miOp(vv)

## [1] 12

# Otra versión, con resultados parciales y en la que incluso
# la función se da 'en linea':
miOpV2 <- function(v) Reduce(function(a, b) a * b/(a + b), v,
    accumulate = TRUE)
miOpV2(vv)

## [1] -2 -6 12
```

Nótese que con el argumento `accumulate=TRUE`, la función entrega lo que la operación da cada vez que se añade un elemento del objeto a la operación.

Esta misma idea de operar con los elementos de los vectores, puede ser llevada más allá, a operar con los elementos de datos más estructurados como pueden ser las listas y los *data frames*. Para ello, el lenguaje cuenta con un conjunto de funciones de transformación, clasificación y agregación de datos que se irán revisando en los siguientes párrafos con ejemplos ilustrativos de su uso.

[4]En su forma más simple, la función Reduce(), toma una función u operación binaria y un objeto compuesto, y la aplica consecutivamente entre el resultado anterior y el siguiente elemento, tomando inicialmente como primer resultado el primer elemento del objeto.

4.3.2. Las funciones `sapply()` y `lapply()`

Para empezar, supóngase que se tiene un *data frame*, exclusivamente de columnas numéricas y se quiere conocer el promedio de cada una de estas columnas. En este caso, la función `sapply()` permite aplicar una operación o una función a cada uno de los elementos la lista o data frame, dado como argumento. Así, la operación deseada se obtiene de la siguiente manera.

```
(misDatos <- data.frame(uno = runif(5, 10.5, 40.3), dos = runif(5),
    tres = runif(5, 155, 890)))

##     uno    dos  tres
## 1 17.66 0.7023 433.0
## 2 33.04 0.8633 875.6
## 3 38.24 0.9655 283.5
## 4 27.80 0.1671 156.1
## 5 11.53 0.2866 464.6

sapply(misDatos, haz_promedio, simplify = TRUE)

##     uno     dos    tres
##  25.652   0.597 442.572

# aquí se podría haber usado la función 'mean' en vez de
# 'haz_promedio'
```

El argumento opcional `simplify`, especificado aquí como `TRUE`, obliga a que el resultado, si se puede, sea entregado como un vector, con un elemento correspondiente a cada una de las columnas en este caso, de otra manera, el resultado es entregado como una lista. El resultado obtenido con la función lapply es más o menos similar, pero el resultado se entrega siempre en una lista:

```
lapply(misDatos, mean)

## $uno
## [1] 25.65
##
## $dos
## [1] 0.597
##
## $tres
## [1] 442.6

# nota que aquí se usó la función 'mean' en vez de
# 'haz_promedio'
```

El uso de las funciones `sapply()` y `lapply()` mostrado arriba, es equivalente a la siguiente versión más *procedural*.

```
r <- numeric()  # vector numerico vacío para resultados
for (elt in misDatos) {
    r <- c(r, haz_promedio(elt))  # note el uso de c()
}
names(r) <- names(misDatos)  # Esto sólo es 'azúcar' estética
r

##     uno     dos    tres
##  25.652   0.597 442.572
```

4.3.3. Operaciones marginales en matrices y la función `apply()`

Como objetos numéricos, las matrices resultan útiles para hacer diversidad de cálculos. Una de sus principales características es que tanto sus renglones como sus columnas pueden ser tratados como elementos individuales. De esta forma, hay operaciones que se efectúan para todas sus columnas o para todos sus renglones; a estas se les denominará *operaciones marginales*. El lenguaje tiene algunas de estas operaciones implementadas directamente, entre ellas están las funciones: `rowSums()`, `colSums()`, `rowMeans()` y `colMeans()`. Para ejemplificar, se calcularán las sumas de las columnas de una matriz y los promedios de sus renglones.

```
# Se hace una matriz arbitraria de 3 renglones y 5 columnas,
# con rbind, que la construye por renglones:
(mm <- rbind(5:9, runif(5, 10, 20), c(2, -2, 1, 6, -8)))

##       [,1]  [,2]  [,3]  [,4]  [,5]
## [1,]  5.00  6.00  7.00  8.00  9.00
## [2,] 18.76 17.41 10.05 18.43 17.36
## [3,]  2.00 -2.00  1.00  6.00 -8.00

colSums(mm)

## [1] 25.76 21.41 18.05 32.43 18.36

rowMeans(mm)

## [1]  7.0 16.4 -0.2
```

Estas operaciones, que se tienen implementadas directamente, evitan mucha programación que se tendría que hacer con ciclos y operaciones individuales con los elementos de la matriz.

El lenguaje provee además la posibilidad de construir el mismo tipo de operación marginal para el caso general de cualquier función, mediante la función `apply()`. Por ejemplo, la función `sd()`, calcula la desviación estándar para un conjunto de números dados como un vector numérico. Si se quisiera aplicar

esta función a todos los renglones o a todas las columnas de la matriz, y considerando que la matriz tiene dos margenes: el de los renglones -primer índice: número de margen 1-, y el de las columnas -segundo índice: número de margen 2-, el asunto se puede resolver así:

```
# para los renglones
apply(mm, 1, sd)  # el 1 es el margen: renglones

## [1] 1.581 3.603 5.215

# para las columnas
apply(mm, 2, sd)  # el 2 es el margen: columnas

## [1]  8.940  9.754  4.606  6.673 12.925
```

Para la función `apply()`, no es necesario que la función a aplicar esté predefinida, ni que el resultado de esa función sea un único número. Para clarificar esto, se propone el siguiente ejemplo:

```
# una función que toma un vector arbitrario y multiplica cada
# elemento, por su posición en el vector:
ff <- function(v) v * (1:length(v))
# probemos la función:
ff(c(2, 4, 6, 8))

## [1]  2  8 18 32

# Ahora la aplicaremos a todas las columnas de la matriz
apply(mm, 2, ff)

##       [,1]  [,2]  [,3]  [,4]   [,5]
## [1,]  5.00  6.00  7.00  8.00   9.00
## [2,] 37.53 34.82 20.11 36.85  34.73
## [3,]  6.00 -6.00  3.00 18.00 -24.00
```

El resultado ha sido una matriz, pero cada una de las columnas de esta nueva matriz es el resultado de aplicar la función `ff()`, recién creada, a cada una de las columnas de la matriz original.

4.3.4. Clasificaciones y uso de la función `split()`

Generalmente, aunque los datos con los que se quiere trabajar están dados en tablas, no están organizados de la manera que se pretende trabajar sobre ellos. La función `split()`, permite clasificar los datos, típicamente dados como un vector, o como un *data frame*. Para explicar el uso de esta función se recurrirá a un ejemplo. Supóngase que los datos, que se muestran en la Fig. 4.1, se tienen en un archivo separado por comas: Precipitaciones.csv. Este archivo contiene

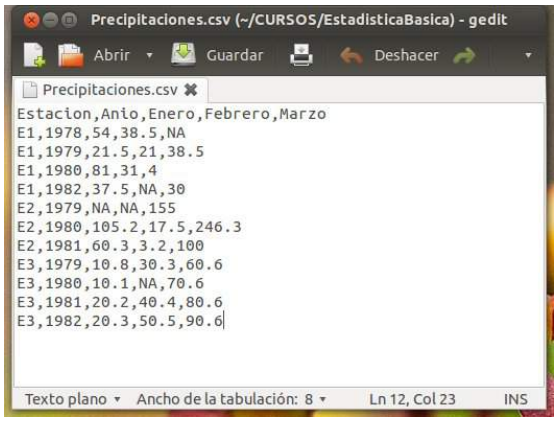


Figura 4.1: Archivo que contiene datos de precipitación en distintas estaciones

los datos de precipitación para distintas estaciones, para distintos años y para distintos meses.

La lectura de un archivo de esta naturaleza hacia un *data frame*, se hace por medio de la función `read.csv()`, como se muestra a continuación:

```
tt <- read.csv("Precipitaciones.csv")
tt

##    Estacion Anio Enero Febrero Marzo
## 1        E1 1978  54.0    38.5    NA
## 2        E1 1979  21.5    21.0  38.5
## 3        E1 1980  81.0    31.0   4.0
## 4        E1 1982  37.5      NA  30.0
## 5        E2 1979    NA      NA 155.0
## 6        E2 1980 105.2    17.5 246.3
## 7        E2 1981  60.3     3.2 100.0
## 8        E3 1979  10.8    30.3  60.6
## 9        E3 1980  10.1      NA  70.6
## 10       E3 1981  20.2    40.4  80.6
## 11       E3 1982  20.3    50.5  90.6
```

Supóngase ahora que se desea tener la misma información pero clasificada por años. Con este propósito se puede emplear la función `split()`, que recibe básicamente dos argumentos principales: el objeto a ser clasificado -típicamente, un *data frame* o un vector-, y una serie de datos que servirán para la clasificación -típicamente, un factor o un vector numérico o de cadenas de caracteres-. Este último argumento debe tener la misma longitud que una columna del *data frame*, dado como primer argumento, o que el vector dado como argumento. según el caso, y no es necesario que este argumento sea parte del objeto dado como primer argumento. Si, como primer argumento de la función

Figura 4.2: Operación de la función `split()`

pasamos una porción de la tabla contenida en el *data frame* justamente leído - sólo las columnas 3 a la 5 del *data frame*-, y como segundo argumento pasamos la columna correspondiente a los años, la función operaría como se muestra en la Fig 4.2.

El resultado de la función, en el caso del ejemplo, es una lista de tablas, cada una correspondiente a cada uno de los años registrados en la columna `tt$Anio`, como se muestra a continuación:

```
mls <- split(tt[, 3:5], tt$Anio)  # Notese: tt[, 3:5] == tt[3:5]
mls

## $`1978`
##   Enero Febrero Marzo
## 1    54    38.5    NA
##
## $`1979`
##   Enero Febrero Marzo
## 2  21.5    21.0  38.5
## 5    NA      NA 155.0
## 8  10.8    30.3  60.6
##
## $`1980`
##   Enero Febrero Marzo
## 3  81.0    31.0   4.0
## 6 105.2    17.5 246.3
## 9  10.1      NA  70.6
##
## $`1981`
##    Enero Febrero Marzo
```

```
## 7   60.3     3.2 100.0
## 10  20.2    40.4  80.6
##
## $`1982`
##    Enero Febrero Marzo
## 4   37.5      NA  30.0
## 11  20.3    50.5  90.6
```

A cada una de las tablas correspondientes a cada año se tiene acceso, de la manera habitual para listas, por ejemplo, la tabla correspondiente al año 1980 es:

```
mls$"1980"

##   Enero Febrero Marzo
## 3  81.0    31.0   4.0
## 6 105.2    17.5 246.3
## 9  10.1      NA  70.6
```

Solo para mostrar la potencia del lenguaje con estas operaciones, supóngase que se quiere aplicar una operación a cada una de las tablas de la lista resultante, el promedio por columnas o la suma por renglones, por ejemplo. Dado que se tata de una lista, podemos utilizar cualquiera de las funciones `lapply()` o `sapply()`, como se muestra a continuación.

```
lapply(mls, colMeans)

## $`1978`
##   Enero Febrero   Marzo
##    54.0    38.5      NA
##
## $`1979`
##   Enero Febrero   Marzo
##      NA      NA    84.7
##
## $`1980`
##   Enero Febrero   Marzo
##   65.43      NA  106.97
##
## $`1981`
##   Enero Febrero   Marzo
##   40.25   21.80   90.30
##
## $`1982`
##   Enero Febrero   Marzo
##    28.9      NA    60.3
```

```
lapply(mls, rowSums)

## $`1978`
##  1
## NA
##
## $`1979`
##     2     5     8
##  81.0    NA 101.7
##
## $`1980`
##   3   6   9
## 116 369  NA
##
## $`1981`
##     7    10
## 163.5 141.2
##
## $`1982`
##     4    11
##    NA 161.4
```

Obsérvese que muchos de los resultados anteriores son `NA`, esto es, *no disponibles*, debido a que las funciones `sum()` y `mean()`, y por consiguiente las funciones derivadas: `colMeans()` y `rowSums()`, entregan ese resultado cuando alguno de los elementos del vector dado como argumento es `NA`. Esto se puede resolver, indicándole a cualquiera de esas funciones hacer caso omiso de los valores `NA`, mediante el parámetro `na.rm=TRUE`, como se muestra a continuación.

```
sapply(mls, colMeans, na.rm = T)  # recuerde T es TRUE

##         1978  1979   1980  1981 1982
## Enero   54.0 16.15  65.43 40.25 28.9
## Febrero 38.5 25.65  24.25 21.80 50.5
## Marzo    NaN 84.70 106.97 90.30 60.3

class(sapply(mls, colMeans, na.rm = T))

## [1] "matrix"
```

Una nota final aquí es que en este último ejemplo se ha utilizado la función `sapply()`, en vez de la función `lapply()`. Como se puede ver, en este caso el resultado ha sido simplificado lo más posible, entregando una matriz en vez de una lista con cada uno de los resultados. Obsérvese también que para el mes de marzo y el año 1978, la tabla ha arrojado un resultado `NaN` (*not a number*), aunque se ha instruido hacer caso omiso de los valores `NA` en los cálculos

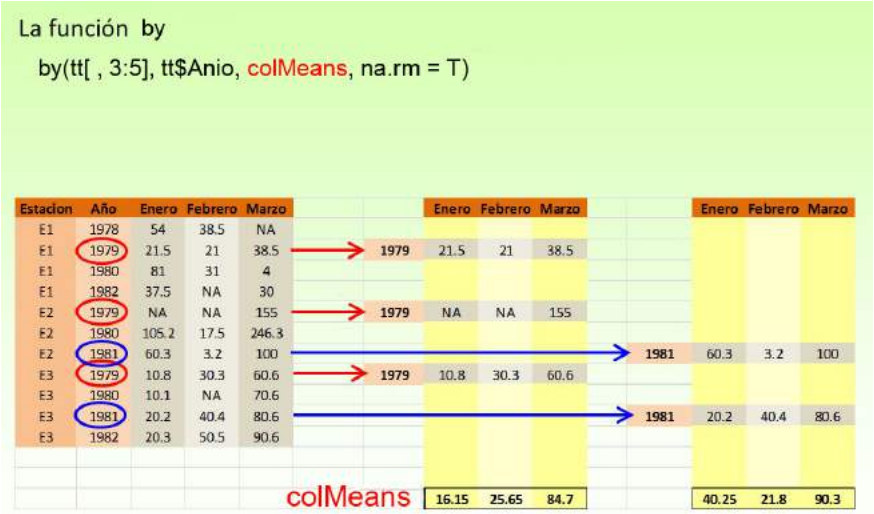


Figura 4.3: Operación de la función `by()`

involucrados. Esto se debe a que para ese año sólo ha reportado valores una estación, 'E1', pero para el mes de marzo no se ha reportado ningún valor, lo que se indica con `NA`, en la celda correspondiente de la tabla; en esa situación, no hay forma de hacer el cálculo de la media, pues se requeriría contar al menos con un valor.

4.3.5. Clasificación y operación: las funciones `by()`, `aggregate()` y `tapply()`

Los últimos ejemplos de la sección anterior, 4.3.4, muestran una secuencia de acciones separadas, a saber: primero una clasificación de los datos, para después aplicar una operación sobre cada una de las partes encontradas mediante la clasificación. De este modo, se aplicó primeramente la función `split()`, para clasificar la información, y después, sobre el resultado de esta clasificación, se aplicó cualquiera de las funciones `lapply()` o `sapply()`, para distribuir una operación, `colMeans()`, sobre cada una de las partes de la clasificación resultante. Mediante la función `by()`, el lenguaje provee una manera de hacer estas dos acciones simultáneamente. La Fig. 4.3 muestra esquemáticamente la manera en la que opera esta función.

La función `by()`, básicamente tiene tres argumentos principales: el objeto al cual se aplica -típicamente un *data frame*-, el factor o vector usado para clasificar y la función que se aplica a cada uno de los elementos resultantes de la clasificación, y puede además tener argumentos adicionales, tales como `na.rm`, que serán pasados a la función que se aplicará. En seguida se muestra el resultado de aplicarla tal como se ha mostrado en la Fig. 4.3.

```
(rr <- by(tt[, 3:5], tt$Anio, colMeans, na.rm = T))
```

```
## tt$Anio: 1978
##   Enero Febrero   Marzo
##    54.0    38.5     NaN
## ------------------------------------------------
## tt$Anio: 1979
##   Enero Febrero   Marzo
##   16.15   25.65   84.70
## ------------------------------------------------
## tt$Anio: 1980
##   Enero Febrero   Marzo
##   65.43   24.25  106.97
## ------------------------------------------------
## tt$Anio: 1981
##   Enero Febrero   Marzo
##   40.25   21.80   90.30
## ------------------------------------------------
## tt$Anio: 1982
##   Enero Febrero   Marzo
##    28.9    50.5    60.3
```

```
class(rr)
```

```
## [1] "by"
```

Nótese la manera en la que la función ha presentado su salida: se muestra un resultado para cada uno de las clasificaciones encontradas; de hecho, la clase de objeto que arroja está diseñada ex profeso para el resultado de la función. La pregunta aquí es: ¿cómo se utiliza o se tiene acceso a la información de ese resultado? La respuesta es que se utilizan como índices los elementos que dieron lugar a la clasificación, en este caso los años, como si se tratara de una lista. Por ejemplo, para tener acceso a la información correspondiente al año 1981, se puede hacer de las siguientes maneras:

```
# Primera forma:
rr$"1981"
```

```
##   Enero Febrero   Marzo
##   40.25   21.80   90.30
```

```
# Segunda forma:
rr[["1981"]]
```

```
##   Enero Febrero   Marzo
##   40.25   21.80   90.30
```

```
# Tercera forma:
rr["1981"]

## $`1981`
##   Enero Febrero   Marzo
##   40.25   21.80   90.30
```

Para ver el significado de cada una de estas formas de acceso, se recomienda leer el texto correspondiente a listas en la sección 2.5.1 en la página 40 y el uso del operador `[]` en la sección 3.2 en la página 49.

Una forma diferente de realizar la misma tarea del ejemplo anterior, es mediante la función `aggregate()`, como se muestra a continuación.

```
(rr <- aggregate(tt[, 3:5], list(anio = tt$Anio), mean, na.rm = T))

##   anio Enero Febrero Marzo
## 1 1978 54.00   38.50   NaN
## 2 1979 16.15   25.65  84.7
## 3 1980 65.43   24.25 107.0
## 4 1981 40.25   21.80  90.3
## 5 1982 28.90   50.50  60.3

class(rr)

## [1] "data.frame"
```

Esta función, toma en este caso varios argumentos. En la forma mostrada, el primer argumento es un *data frame*, o una porción de éste, sobre cuyas columnas se aplicará la función que se indica en el tercer argumento. En el caso del ejemplo, la entrada es la porción del *data frame* correspondiente a las columnas 3 a la 5, o sea las columnas de datos de precipitación de los meses. El segundo argumento es una lista, cada uno de cuyos elementos es un objeto, que pueda ser interpretado como factor y que tiene tantos elementos como renglones tiene el *data frame* indicado antes; es decir, cada uno de estos objetos es *paralelo* al *data frame* del primer argumento. Los elementos en este argumento sirven para clasificar los renglones del *data frame*. Imaginemos que esta lista fuera de n-arreglos paralelos al frame del primer argumento. Cada índice en los arreglos indica una n-tupla o renglón, y cada una de estas determinaría la categoría o clase de renglón en el *data frame*. En el caso del ejemplo la lista es de un sólo elemento que es arreglo o vector con los años. Aquí, por ejemplo, el año 1979 ocurre tres veces, que son los elementos 2, 5 y 8; lo que indica que los renglones 2, 5 y 8 son, por así decir, la "clase 1979". El tercer argumento es la función que se aplicará, en este caso se trata de la función `mean()`. El cuarto argumento indica que hacer con los valores `NA`; en este caso se indica que sean removidos. La función se aplica sobre los elementos de una misma clase, y respetando las columnas. Así, que para el ejemplo mostrado, el promedio que se calculará pa-

ra el año 1979 en el mes de enero, considera sólo dos elementos, a saber: 21.5 y 10.8, dando como resultado 16.15.

Nótese que, a diferencia de la función `by()`, para la función `aggregate()` se ha pasado como función de operación sobre el primer argumento la función `mean()` en vez de la función `rowMeans()`. Esto se debe a que `by()` actúa como si operara con la salida de una clasificación hecha con `split()`, que es una lista con cada resultado de la clasificación, mientras que `aggregate()` opera directamente sobre las columnas del *data frame*. También, como se puede ver, el resultado de `aggregate()`, convenientemente es una tabla de datos vertida en un *data frame*, que es fácilmente manipulable como se ha mostrado antes.

Finalmente, en este tipo de funciones está la función `tapply()`, que efectúa el mismo tipo de operaciones de clasificación y operación, pero actúa sobre un vector y no sobre un *data frame*. Para ejemplificar el uso de esta función, se leerá un archivo que contiene la misma información de precipitaciones que se ha manejado en los ejemplos anteriores, pero organizada, o más bien, se debería decir, *desorganizada* de una manera diferente.

```
dd <- read.csv("Precipitaciones2.csv")
dd
```

```
##    Est Anio Mes  Prec
## 1   E3 1980 Mar  70.6
## 2   E1 1978 Ene  54.0
## 3   E1 1979 Feb  21.0
## 4   E3 1979 Mar  60.6
## 5   E1 1980 Mar   4.0
## 6   E3 1981 Mar  80.6
## 7   E1 1978 Feb  38.5
## 8   E3 1982 Ene  20.3
## 9   E1 1982 Feb    NA
## 10  E2 1979 Mar 155.0
## 11  E1 1978 Mar    NA
## 12  E2 1980 Ene 105.2
## 13  E1 1979 Mar  38.5
## 14  E2 1981 Mar 100.0
## 15  E1 1982 Ene  37.5
## 16  E3 1981 Ene  20.2
## 17  E2 1981 Feb   3.2
## 18  E3 1979 Ene  10.8
## 19  E2 1980 Feb  17.5
## 20  E3 1980 Feb    NA
## 21  E2 1979 Ene    NA
## 22  E1 1982 Mar  30.0
## 23  E1 1980 Ene  81.0
## 24  E3 1979 Feb  30.3
## 25  E3 1981 Feb  40.4
```

```
## 26  E2 1980 Mar 246.3
## 27  E3 1982 Feb  50.5
## 28  E2 1981 Ene  60.3
## 29  E3 1982 Mar  90.6
## 30  E1 1979 Ene  21.5
## 31  E1 1980 Feb  31.0
## 32  E2 1979 Feb    NA
## 33  E3 1980 Ene  10.1
```

Cada una de las columnas del *data frame* leído, es o bien un vector numérico, o un factor. Debido a la organización de la tabla anterior, para obtener mismo el resultado que las funciones usadas anteriormente, `by()` y `aggregate()`, la función `tapply()` tiene que sacar provecho de que el segundo argumento, que sirve para clasificar los datos, puede ser una lista de uno o mas objetos, interpretables como factores, y que en el caso del ejemplo estará constituida por las columnas correspondiente a los años y a los meses. Así, el resultado deseado se obtiene como sigue:

```
(rr <- tapply(dd$Prec, list(dd$Anio, dd$Mes), mean, na.rm = T))

##        Ene   Feb   Mar
## 1978 54.00 38.50   NaN
## 1979 16.15 25.65  84.7
## 1980 65.43 24.25 107.0
## 1981 40.25 21.80  90.3
## 1982 28.90 50.50  60.3
```

La posibilidad de la función `tapply()` de usar como clasificador una lista de objetos interpretables como factores, también está disponible para las otras funciones que utilizan este esquema de clasificación: `split()`, `by()` y `aggregate()`. Para más detalles, consulte las páginas de ayuda, introduciendo en su intérprete, p.ej., ‘‘`?aggregate`’’.

Como se puede ver por lo expuesto en este capítulo, mucho del trabajo que otros lenguajes resuelven con ciclos, decisiones y secuencias de instrucciones, en R, alternativamente, se puede hacer por medio de este elegante conjunto de funciones de clasificación, transformación y agregación de datos, lo que, junto con las operaciones para manipular porciones de los datos estructurados, revisadas en el capítulo anterior, hacen del lenguaje una poderosa herramienta para el procesamiento de información.

En relación con las funciones disponibles en el lenguaje, tales como las trigonométricas, logarítmicas, exponenciales, de distribución de probabilidades, etc., debido a la integración de infinidad de paquetes sobre muy diversos tópicos en el lenguaje, se invita al lector a considerar las fuentes de información contenidas en el intérprete del lenguaje, mediante la instrucción “`??functions`”, que mostrará todo lo que se encuentra bajo ese rubro en el módulo de ayuda del intérprete, y en Internet, la dirección:

`http://cran.r-project.org/web/packages/`, donde se encuentra información de todos los paquetes que se pueden instalar en el intérprete de R.

Capítulo 5

Escritura de Funciones

En los capítulos anteriores se han revisado distintos tópicos de la programación con este lenguaje. En medio de las explicaciones provistas, se ha indicado implícitamente la forma de escribir funciones; en particular, en la sección 2.7 en la página 44, se ha dado una breve introducción al tema de la escritura de funciones. En este capítulo se abordará ese mismo tema, pero de una manera un poco más formal.

5.1. Estructura formal de una función

Como se ha visto con anterioridad, R trata las funciones prácticamente igual que cualquier otra variable. Así, ellas se pueden manipular de manera semejante a como se hace con otros objetos de R: se pueden pasar como argumentos de otras funciones, se pueden regresar como el valor final de una función, se pueden definir en el interior de otra función, etc. Para crear o definir una función, se emplea la directiva ‘‘`function`’’, en general, asociándola con un símbolo mediante una operación de asignación, como se muestra en la Fig. 5.1. Esta directiva, tiene dos partes, la definición de los *argumentos formales* de la función, y el cuerpo de la función. El cuerpo de la función está constituido por una o más expresiones válidas del lenguaje. Al ejecutarse la función, el valor de la última expresión en la secuencia de ejecución, es el valor que la función entrega como resultado; esto simbólicamente se ha indicado en la figura, como la última expresión del cuerpo, aunque, como se verá más adelante no necesariamente es así.

Existen dos *momentos* importantes en la *vida* de una función: la definición de la función, que básicamente ocurre una vez, y la ejecución de la función, que puede ocurrir un sinnúmero de ocasiones y en contextos muy diversos. La nociones de argumentos formales, variables y valor de regreso en el interior de una función, deben ser examinadas desde la perspectiva de esos dos momentos.

Figura 5.1: Definición de una función

5.1.1. Argumentos y valor de resultado de una función

Los argumentos de una función se enfocan desde las perspectivas de los dos momentos de la vida de una función: su definición y su ejecución. En el momento de la definición de la función se ven principalmente como lo que se denomina *argumentos formales*, mientras que en el momento de la ejecución, se considera cómo esos argumentos formales se asocian con un valor particular a partir de sus respectivos *argumentos verdaderos* o efectivos, que son los que se especifican o se *pasan*, por así decirlo, en el instante de invocar la función.

Los argumentos formales son uno de los principales medios por el cual la función se comunica con el ambiente exterior a ella; esto es, el sitio dónde la función es invocada para ejecutarse, y consiste de una lista de símbolos, que pudieran tener o no asociado algún valor a utilizar en caso de no asignársele alguno en el momento de su invocación. Al momento de ejecutarse la función, los argumentos formales se asociarán con algún valor, típicamente, a partir de los *argumentos verdaderos* que se proveen en la invocación de la función, o de los *valores por omisión* o de *default*, que se hayan indicado en la definición de la función. Veamos un ejemplo.

```
# Definición -- Versión 1
MiFunc.v1 <- function (x, yyy, z=5, t) {
  w <- x + yyy + z
  w
}

# Definición -- Versión 2
MiFunc.v2 <- function (x, yyy, z=5, t) {
```

```
  w <- x + yyy + z
  return (w)
  3.1416 # Este código nunca se ejecuta
}

# Definición -- Versión 3
MiFunc.v3 <- function (x, yyy, z=5, t) {
  x + yyy + z
}

# Ejecuciones:

MiFunc.v1(1,2,3) # Ejecución 1

## [1] 6

MiFunc.v2(1,2) # Ejecución 2

## [1] 8

MiFunc.v3(1) # Ejecución 3

## Error: el argumento "yyy" está ausente, sin valor por omisión

MiFunc.v3(z=3, yyy=2, x=1) # Ejecución 4

## [1] 6

MiFunc.v2(1, y=2) # Ejecución 5

## [1] 8

MiFunc.v1(1, z=3) # Ejecución 6

## Error: el argumento "yyy" está ausente, sin valor por omisión
```

En el código precedente, se han definido tres versiones de una función que tiene la simple tarea de sumar tres números que estarán asociados con los tres argumentos formales x, yyy, z; aunque, intencionalmente se ha provisto de un argumento adicional, t, que no se emplea en el cuerpo de la función. La lista de argumentos formales es semejante en todas las versiones. En ella, al tercer argumento, z, mediante el operador ‘‘=’’, se le asigna el valor 5 por omisión; lo que quiere decir que si no se puede asociar con un argumento verdadero al momento de la ejecución, tomará ese valor. En todas las versiones se hace la suma de los tres primeros argumentos formales; sin embargo, en las dos primeras versiones, el resultado de esta operación se *guarda* en una variable local, w, mientras que en la tercer versión, no. El resultado de la función, esto es el valor que entregará al ejecutarse, se toma de la última expresión ejecuta-

da en el cuerpo de la función. En el caso de la primer versión, el resultado es el valor que tenga la variable `w` al momento de ejecutarse, mientras que en la tercera versión, es directamente el resultado de la suma de los tres argumentos formales. La segunda versión difiere de las otras dos en que se invoca la función `return()`, que tiene dos consecuencias: la ejecución de la función se interrumpe en ese punto y el resultado de la función será el argumento que se pase a `return()`. En el caso del ejemplo, para esta tercera versión, el resultado será el valor de `w`, mientras que la expresión `3.1416`, nunca se ejecutará, y por consiguiente el resultado de la función nunca será ese.

Al momento de ejecutarse la función, los argumentos formales se asocian con o toman sus valores de los argumentos verdaderos. Una forma de hacer esto es mediante el orden o la posición en que aparecen en la definición, y a la que denominaremos *asociación posicional*. Las primeras tres ejecuciones del código anterior, hacen uso de esta característica. En la primera, de acuerdo con el orden, los argumentos `x`, `yyy`, `z`, quedan asociados con los valores 1, 2, 3, respectivamente, que son los argumentos verdaderos, y se ha omitido especificar algún valor para el cuarto argumento, `t`. R no tiene ningún problema con esa omisión, ya que `t` no se usa en ninguna parte del cuerpo de la función, en ninguna de sus versiones[1]. En la segunda ejecución, se ha omitido además especificar el argumento verdadero correspondiente a `z`. Nuevamente, el lenguaje no tiene ningún problema con eso, ya que en la definición se ha provisto el valor 5 en caso de omisión, por lo que en esa ejecución, `z` toma ese valor y por consiguiente el resultado de la suma es 8. En la tercera ejecución, se ha omitido además especificar el argumento verdadero correspondiente a `y`. Como se puede ver, en este caso el intérprete sí se queja, ya que no se ha especificado ningún valor por omisión para dicho argumento.

La otra manera de asociar los argumentos formales con sus correspondientes valores determinados por los argumentos verdaderos al momento de la ejecución, es mediante sus nombres. A esta manera la denominaremos *asociación nominal*. Las ejecuciones 4, 5 y 6, del código anterior y que son paralelas a las primeras tres, hacen uso de esta característica. En este caso, no es necesario respetar el orden en que fueron especificados los argumentos formales, aunque, como se puede ver en la ejecuciones 5 y 6, se pueden combinar ambas maneras; esto es, para algunos argumentos emplear la asociación posicional, y para otros, la asociación nominal. Una nota adicional es que, en este tipo de asociación, como se puede ver en la ejecución 5, el lenguaje puede resolver la asociación con un nombre de manera *parcial*; por ello es que satisfactoriamente resuelve que, en la invocación, la especificación ‘‘`y=2`’’ es lo mismo que ‘‘`yyy=2`’’, y que, de hecho, se podría también haber especificado como ‘‘`yy=2`’’. Esto se puede hacer, siempre y cuando la expresión especificada pueda ser resuelta por este método sin ambigüedad.

[1] Esto tiene que ver con lo que se conoce como la *evaluación perezosa* de los argumentos en R y que consiste en que en el momento de ejecución de una función, el lenguaje no evalúa los argumentos a no ser que la ejecución del código lo requiera. En los casos del ejemplo, como el argumento `t` no se menciona en el cuerpo de la función, nunca se requiere su evaluación y por tanto, no constituye un error el que no se haya especificado en la invocación de la función.

5.1.2. Revisión de los argumentos de una función

Una vez definida una función, hay dos funciones de R que permiten revisar su lista de argumentos formales, a saber: `args()` y `formals()`. En el siguiente código se ve el comportamiento de cada una de ellas.

```
args(MiFunc.v2)

## function (x, yyy, z = 5, t)
## NULL

(ar <- formals("MiFunc.v2")) # puede o no llevar comillas

## $x
##
##
## $yyy
##
##
## $z
## [1] 5
##
## $t

# Si se quiere revisar el argumento z, se hace así:
ar$z

## [1] 5
```

La función `args()`, entrega lo que sería el encabezado de la función, desprovisto de su cuerpo; prácticamente, permite ver la lista de argumentos de la función tal como fue definida. Esta función le resulta útil a un usuario del lenguaje para revisar la lista de argumentos de cualquier función. La función `formals()`, digiere un poco más la información ya que entrega una lista con cada uno de los argumentos formales y los valores asignados por omisión. Esta función le resulta más útil a un programador que desea manipular esta lista[2]. Estas funciones resultan útiles para revisar los argumentos de funciones de biblioteca, que pueden ser muchos, y sus valores por omisión. Por ejemplo, si se quiere revisar esto para la función `lm()`, que se usa para ajustes lineales, se puede hacer con:

```
args(lm)
```

[2]En efecto, esta lista es una clase de objeto de R conocido como "`pairlist`", cada uno de cuyos elementos tiene, por un lado, como nombre el nombre de uno de los argumentos y como valor, el valor correspondiente por omisión, *sin evaluar* aún.

```
## function (formula, data, subset, weights, na.action,
##     method = "qr", model = TRUE, x = FALSE, y = FALSE,
##     qr = TRUE, singular.ok = TRUE, contrasts = NULL,
##     offset, ...)
## NULL
```

5.1.3. El argumento especial ‘‘. . .’’

En la definición de las funciones existe un argumento especial que se puede emplear en distintas circunstancias: se trata del argumento especial ‘‘. . .’’, que sirve para transferir un número variable de argumentos a otra función. La utilidad de este argumento se da en varios casos que se discuten a continuación.

5.1.3.1. El uso del argumento ‘‘. . .’’ para extender una función

Cuando se quiere extender o modificar el comportamiento de una función invocándola desde otra función, una manera de pasar varios argumentos, a los que no se hace referencia en la nueva función, es mediante este argumento, que en este caso podría ser interpretado más o menos como la frase: *“y el resto de los argumentos”*. Para explicar como se comporta este *argumento* aquí, a continuación se propone un ejemplo sencillo.

En la sección anterior, 5.1.1 en la página 88, se codificó la función `MiFunc.v3()`. En la ejecución 3 de esta función, el intérprete se quejó porque, al no existir un valor por omisión para el argumento yyy, su valor quedó indefinido y no se pudo ejecutar la función. Supóngase que se quiere hacer una función que modifique el comportamiento de la otra función, simplemente proveyendo un valor por omisión para dicha función[3]. El código para ese propósito es el siguiente:

```
NuevaMiFunc <- function(x, yyy = -1, ...) {
    MiFunc.v3(x, yyy, ...)
}

NuevaMiFunc(1)

## [1] 5

NuevaMiFunc(x = 1)

## [1] 5

NuevaMiFunc(1, z = 10)

## [1] 10
```

[3]Desde luego que la opción inmediata sería reprogramar la función. Sin embargo, hay muchas funciones de cuyo código no se puede disponer o simplemente, la técnica que se ilustra podría servir para contar con diferentes versiones de la misma función.

Nótese que todos los otros argumentos, "el resto de los argumentos", se pasan intactos de `NuevaMiFunc()` a `MiFunc.v3()`, como se puede ver en la última ejecución del código anterior.

5.1.3.2. El uso del argumento ''. . .'' al principio de una función, cuando no se conoce de antemano el número de argumentos

Otro uso de este argumento especial es al principio de funciones para las que no se conoce de antemano el número de argumentos que les serán enviados. Uno de estos casos es la función `paste()`, que sirve para construir una cadena de caracteres a partir de un número cualquiera de cadenas de caracteres que le entreguen como argumentos. En seguida se muestra el encabezado de argumentos y el uso de dicha función.

```
args(paste)

## function (..., sep = " ", collapse = NULL)
## NULL

paste("uno", "dos", "tres", sep = "++")

## [1] "uno++dos++tres"

paste("uno", "dos", "tres", se = "++")

## [1] "uno dos tres ++"
```

El asunto aquí es que, la asociación con todos los argumentos que siguen al argumento especial "...", es *nominal* y de ninguna manera *posicional*; esto es, deben ser explícitamente nombrados si su valor se requiere al momento de ser ejecutada la función. Además, la asociación parcial de argumentos también está prohibida, como se puede ver en la última ejecución del código anterior, donde el intérprete no entendió que por `se=''++''`, se quería significar `sep=''++''`, y en vez de ello interpretó que se deseaba agregar una cadena más a la salida.

5.2. Visibilidad del código

Cada vez que se introduce un nuevo símbolo en alguna parte del código de un programa escrito en R, al ejecutarse, el lenguaje tiene que resolver de algún modo, de qué manera se asocia ese símbolo con algún objeto computacional creado o por crearse dentro del programa: ¿se refiere el símbolo a algún objeto que ya existía en el programa?, ¿es necesario crear un nuevo objeto asociado con el símbolo que se ha introducido? La visibilidad del código, y las reglas de alcance del lenguaje R, que son los temas de esta sección, se refieren precisamente a la asociación de los símbolos con los objetos computacionales creados durante la ejecución de algún programa y muy particularmente en el tema de cómo se hace esta asociación cuando se ejecutan las funciones.

5.2.1. Asociación de símbolos con valores

La primer pregunta que surge en el asunto que se trata en este capítulo es: ¿en qué momento se introduce o viene a la existencia en R algún símbolo, típicamente para nombrar alguna variable? La respuesta a esta pregunta es que básicamente hay dos momentos:
Las expresiones de asignación. Observemos por ejemplo qué pasa con la siguiente expresión:

```
x <- y

## Error: objeto 'y' no encontrado
```

Después de la asignación, R se ha quejado de la inexistencia del símbolo ‘‘y’’, pero no se ha quejado de la inexistencia del símbolo ‘‘x’’. Esto se debe a que, el símbolo a la izquierda de la asignación se emplea para la *escritura* de un objeto al que hace referencia y, si no existe, se crea en ese mismo momento; esto equivale a lo que sería la *definición* de una variable en otros lenguajes. En cambio, el símbolo o símbolos que aparecen a la derecha son de *lectura* y por lo tanto se presupone su existencia o definición previa. En este caso, como R no puede determinar una asociación de este símbolo con algún valor, pues ‘‘y’’ no se ha creado previamente, emite un mensaje de error como el mostrado. Así pues, los símbolos en el lado izquierdo de las expresiones de asignación pueden significar la creación de nuevas variables referidas mediante esos símbolos, en el código, a partir de ese momento. Dado que la instrucción anterior ha terminado en error, tampoco se ha asociado el símbolo ‘‘x’’ con valor alguno; esto es, no se ha creado ningún objeto con ese *nombre*.
La declaración de argumentos formales de alguna función. Otra manera de introducir los símbolos correspondientes a *nuevas variables*, es mediante la declaración de los argumentos formales en la definición de alguna función:

```
f <- function(x, y) {
    x + y
}
```

En este ejemplo, el símbolo ‘‘f’’, se ha introducido por la asignación, y los símbolos ‘‘x’’ y ‘‘y’’, se han introducido mediante su declaración como argumentos formales de la función, y cuya validez está delimitada al código de la función.

Pero, ¿dónde y cómo se organizan esas asociaciones entre símbolos y valores? Para introducir esta noción, se asignará al símbolo ‘‘t’’, una función muy simple:

```
t <- function(x) {
    2*x
}
```

```
# Veamos cual es el valor de la
# variable 't' recien declarada:
t

## function(x) {
##     2*x
## }

# Usemos la variable:
t(8)

## [1] 16
```

Como era de esperarse, al introducir en la *consola*[4] solamente la variable ‘‘t’’, regresa su valor, que es una función y que se puede utilizar para calcular el doble de algún valor, 8, en el caso del ejemplo. Resulta, sin embargo, que, como se dijo anteriormente, en la sección 2.3.3 en la página 32, el símbolo ‘‘t’’, ya estaba de entrada asociado con la función de transposición de matrices. ¿Qué ha pasado con la definición anterior de ‘‘t’’?, ¿se ha perdido del todo? De hecho, no. Se puede recuperar la definición anterior, removiendo la que se acaba de introducir. Esto se hace de la siguiente manera:

```
rm(t) # remoción de la definición anterior de 't'
# Ahora veamos que es 't'
t

## function (x)
## UseMethod("t")
## <bytecode: 0x37f8a30>
## <environment: namespace:base>

# y usemos nuevamente la definición original:
mx <- cbind(c(4,5),c(6,7))
mx

##      [,1] [,2]
## [1,]    4    6
## [2,]    5    7

t(mx) # otra vez, t() es la traspuesta de una matriz

##      [,1] [,2]
## [1,]    4    5
## [2,]    6    7
```

[4]La *consola* de R, es el ambiente interactivo provisto por el lenguaje, en el cual el usuario de éste introduce las expresiones del lenguaje y recibe, después de su interpretación, las respuestas correspondientes generadas.

Nótese que al solicitar el valor del símbolo ‘‘`t`’’, esta vez, en lugar de desplegar el código de la función asociada, regresa un conjunto de información que, en efecto la identifica como una función, pero con otros datos adicionales. Ello se debe a que se trata de una función de biblioteca. Para el asunto que nos ocupa, de la información desplegada, lo que interesa es el texto: `<environment: namespace:base>`, pues es un indicador, de que el valor asociado ahora al símbolo ‘‘`t`’’, se encontraba guardado justamente *ahí*, en el ambiente (*environment* en inglés) del espacio de nombres (*namespace* en inglés), de un paquete o biblioteca llamada “base”. Pero, ¿cuántos de estos ambientes hay cuando se ejecuta un programa en R?, y ¿de cuál de ellos toma R el valor asociado a un nombre particular? La función `search()`, permitirá responder a ambas preguntas:

```
search()

## [1] ".GlobalEnv"        "package:knitr"
## [3] "package:stats"     "package:graphics"
## [5] "package:grDevices" "package:utils"
## [7] "package:datasets"  "Autoloads"
## [9] "package:base"
```

El resultado de esta función es un vector de cadenas de caracteres, cada una de las cuales es la descripción de un “ambiente”, en el que se *guardan* asociaciones entre símbolos y valores. Para saber los símbolos que contiene alguno de estos ambientes, se usa la función `ls()`, con el nombre del ambiente como argumento. Como generalmente, estos ambientes contienen una gran cantidad de símbolos, filtraremos aquí el resultado con la función `head()`, que limita el resultado a pocos elementos al inicio, seis por *default*. Así, veamos cuales son esos primeros seis símbolos para el ambiente ‘‘`package:stats`’’, y la totalidad de los símbolos en primer ambiente, ‘‘`.GlobalEnv`’’, el argumento default de `ls()`, de la lista anterior, como sigue:

```
# Introduzcamos, en la "consola", primeramente un
# símbolo cualquiera 'MiSimbolo', para la explicación
# posterior en el texto
MiSimbolo <- 5
head( ls("package:stats") ) # Primeros seis elementos

## [1] "acf"        "acf2AR"     "add1"       "addmargins"
## [5] "add.scope"  "aggregate"

ls() # Equivale a: ls(".GlobalEnv")

## [1] "ar"          "f"           "MiFunc.v1"   "MiFunc.v2"
## [5] "MiFunc.v3"   "MiSimbolo"   "mx"          "NuevaMiFunc"
```

Todos los símbolos que se definen mediante el operador de asignación a nivel de la *consola* del intérprete de R, se introducen en el primer ambiente de

la lista `search()`; esto es, en el ambiente ‘‘`.GlobalEnv`’’. En el ejemplo anterior, se ve que el objeto recién creado asociado al símbolo `MiSimbolo`, aparece justamente en la lista correspondiente a ese ambiente.

Cuando R busca el valor asociado a un símbolo, lo hace justamente en el orden establecido por la lista entregada por la función `search()`. Esa es la razón por la cual al redefinir la función `t()`, el intérprete se encontró primero con la nueva definición provista y no con la que existía previamente en el ambiente ‘‘`package:base`’’, que, como se puede ver, es el último de la lista. De hecho, el primer ambiente siempre será el ambiente global ‘‘`.GlobalEnv`’’, y el último el correspondiente a ‘‘`package:base`’’.

Cada vez que se carga un nuevo paquete, mediante la función `library()`, por ejemplo, su ambiente se introduce en la segunda posición de la lista, empujando todos los que ya estaban, una posición *hacia abajo*, pero dejando siempre en primer lugar el ambiente global. Por ejemplo, si se carga el paquete para desarrollo de interfaces gráficas `tcltk`, obtenemos lo siguiente:

```
library(tcltk)
search()

##  [1] ".GlobalEnv"        "package:tcltk"
##  [3] "package:knitr"     "package:stats"
##  [5] "package:graphics"  "package:grDevices"
##  [7] "package:utils"     "package:datasets"
##  [9] "Autoloads"         "package:base"
```

Otro hecho interesante es que R mantiene por separado los espacios de nombres de las funciones y de todos los otros objetos que no son funciones. De este modo, se pudiera definir un símbolo ‘‘`t`’’, asociado a un vector, por ejemplo, y aún así tener acceso a la función `t()`, veamos:

```
t <- c(1,2,3) # definimos vector
t(mx) # usamos la funcion t

##      [,1] [,2]
## [1,]    4    5
## [2,]    6    7

t # pero al consultar t, tenemos ...

## [1] 1 2 3
```

Aunque en el ambiente global sólo existe el símbolo ‘‘`t`’’ correspondiente al vector, no obstante, R acertadamente invoca la función de transposición `t()`, por la separación de espacios de nombres entre funciones y no funciones.

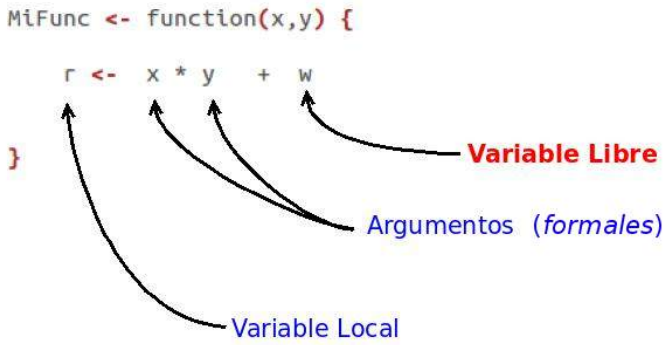


Figura 5.2: Tipos de símbolos en el interior de una función

5.2.2. Reglas de alcance

La discusión precedente lleva ahora a considerar lo que se denomina reglas de alcance, y que se refieren a la forma como el lenguaje resuelve la asociación entre una variable o símbolo libre y su correspondiente valor.

En una función, una variable libre es aquella que no se ha *definido* en el código de la misma, en el sentido explicado al principio de la sección 5.2.1, y cuyo valor, sin embargo, se solicita, al incluir su nombre o símbolo correspondiente, típicamente en el lado derecho de una asignación[5], como se muestra en la Fig. 5.2.

Para asociar las variables libres con un valor, R utiliza lo que se conoce como *alcance léxico*[6]. En este tipo de alcance se establece que *los valores de las variables se buscan en el ambiente en el cuál la función se definió*. Como se puede intuir de lo dicho antes, un ambiente es una colección de pares <*símbolo, valor*>, donde, por ejemplo, un símbolo podría ser `MiSimbolo`, y su valor `5`, o el símbolo `t` y su valor el vector `<1,2,3>`. Ahora bien, en R los ambientes se organizan en una jerarquía; esto es, cada ambiente tiene un ambiente padre y a su vez puede tener cero o más hijos. El único ambiente que no tiene padre es el ambiente vacío, que se encuentra en lo más alto de la jerarquía. Así pues, el lugar dónde R buscará el valor de una variable libre, dependerá del lugar dónde se encuentre escrito el código de la función en el que se hace referencia a ella. Tomemos, por ejemplo, el caso de la función que se ha mostrado en la Fig. 5.2, y veamos

[5]Por ejemplo, otro caso en el que esto puede ocurrir es si dentro de la función se llama a otra función pasando como argumento una variable que no ha sido previamente definida.

[6]El lenguaje S, o más bien su última versión, S-PLUS, usa lo que se conoce como *alcance estático*, que consiste en resolver el problema de las variables libres, asociándolas siempre con los nombres que aparecen en el ambiente global. La diferencia entre este tipo de alcance y el *alcance léxico*, que es el que usa R, se puede apreciar en la explicación que aparece más delante en el texto.

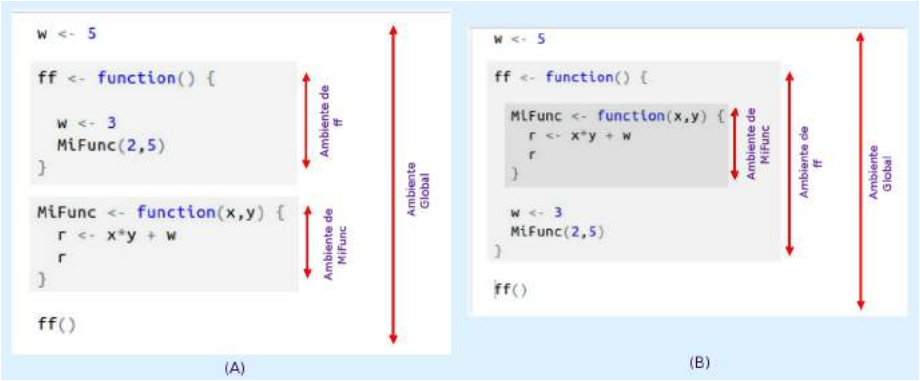


Figura 5.3: Jerarquía en los ambientes de las funciones

la diferencia en el valor que tomará la variable ‘‘w’’, al insertar el código de la función en distintas partes.

La Fig. 5.3 muestra la inserción de la misma función, `MiFunc()`, en dos distintas partes del código global. La jerarquía de los ambientes es diferente en cada caso: en la situación marcada como (A), el ambiente global tiene dos hijos el correspondiente a la función `ff()` y el correspondiente a `MiFunc()`, mientras que en la situación (B), el ambiente global tiene un solo hijo, el ambiente correspondiente a la función `ff()`, que a su vez tiene un hijo, el correspondiente a la función `MiFunc()`. Una nota adicional aquí es que una función puede ser definida en el interior de otra función y eso es precisamente lo que ilustra la situación (B) de la figura.

Para resolver el valor de ‘‘w’’, o sea de una variable libre, en cualquier caso, R busca primero en el ambiente de la misma función, si no encuentra el símbolo ahí, procede a buscar en el ambiente padre, y así lo sigue haciendo con todos los predecesores hasta encontrar una asociación. Por supuesto que, si en este proceso, llega al ambiente vacío sin encontrar una asociación posible, el lenguaje emitirá un mensaje de error.

En el código que sigue se muestra el comportamiento de R las situaciones mostradas en la Fig. 5.3, y se añade una situación más para ejemplificar lo que se ha explicado aquí.

```
w <- 5 # Primera w

ff <- function() {
  w <- 3 # Segunda w
  MiFunc(2,5)
}

MiFunc <- function(x,y) {
  r <- x*y + w
```

```
  r
}

ff()

## [1] 15
```

En este caso, a pesar de que en el interior de la función `ff()` se ha definido un valor para `w` de 3, el lenguaje ha resuelto, de acuerdo con la regla explicada previamente, que el valor de `w` en `MiFunc()` es el del ambiente global, esto es, 5, y por ello el resultado que se despliega es 15.

```
w <- 5 # Primera w

ff <- function() {
  MiFunc <- function(x,y) {
    r <- x*y + w
    r
  }

  w <- 3 # Segunda w
  MiFunc(2,5)
}

ff()

## [1] 13
```

En este caso, la asociación del símbolo `w`, referido en el interior de la función `MiFunc()`, con el valor 3, es inmediata, a partir de la variable `w` definida el ambiente de la función padre `ff()`, por ello el resultado es 13.

```
w <- 5 # Unica w

ff <- function() {
  MiFunc <- function(x,y) {
    r <- x*y + w
    r
  }

  # ELIMINAMOS LA DEFINICIÓN: w <- 3
  MiFunc(2,5)
}

ff()

## [1] 15
```

En este último caso, se ha eliminado la definición de `w` en el ambiente de la función `ff()`, por ello, al no encontrar asociación posible en éste ambiente que es el padre del ambiente de la función `MiFunc()`, procede hacia arriba en la jerarquía, en este caso al ambiente global donde encuentra que `w` tiene un valor de 5. Por eso, aquí el resultado es 15.

5.3. Contenido de los ambientes de las funciones

En el ejemplo que se presentó en la sección anterior, particularmente en el caso ilustrado por la Fig. 5.3(B), el uso de la función `MiFunc()` está confinado al interior de la función `ff()`, que es donde se definió. Al ser por sí mismo `MiFunc`, el símbolo correspondiente a una variable, cuyo valor es una función en este caso, el lenguaje R, tiene los mecanismos necesarios para revelar ese valor, o sea el código de la función, fuera de la función misma donde se definió. Esto permite usar las funciones definidas en el interior de alguna función, afuera del código correspondiente a la función donde se han definido. En este caso, las reglas de alcance, descritas previamente, juegan un papel muy importante. Para ilustrar esto, se propone aquí la creación de una función constructora de funciones, de la siguiente manera:

```
Construye.multiplicador <- function(n) {
  fff <- function(x) {
    n*x
  }
  fff # Regresa como resultado la función creada
}

duplica <- Construye.multiplicador(2)
triplica <- Construye.multiplicador(3)

duplica(5)

## [1] 10

triplica(5)

## [1] 15
```

La función `fff()` tiene una variable libre, a saber, `n`. Para resolver el valor de `n`, en el interior de `fff()`, el lenguaje busca en el ambiente padre, el ambiente de la función `Construye.multiplicador()`, en este caso. Al momento de la ejecución, `n`, que es un argumento formal de `Construye.multiplicador()`, toma consecutivamente los valores de 2 y 3, y esos son, respectivamente, los valores que tomará la variable libre, `n`, al momento de construir las funciones `duplica()` y `triplica()`.

En R, es posible revisar el contenido del ambiente de una función, e incluso encontrar el valor asociado a un símbolo determinado en esos ambientes. Para ello se usan las funciones `environment()`, `ls()` y `get()`, como se muestra a continuación.

```
ls( environment(duplica) )

## [1] "fff" "n"

get( "n", environment(duplica) )

## [1] 2

ls( environment(triplica) )

## [1] "fff" "n"

get( "n", environment(triplica) )

## [1] 3
```

Una nota final de este capítulo, tiene que ver con el proceso de búsqueda que sigue R más allá del ambiente global. En la sección 5.2.1 se vio la función `search()`, y la lista de ambientes que arroja como resultado. A continuación se muestra un fragmento de la línea de búsqueda en ambientes que seguiría R a partir de la función `duplica()`.

```
# El PRIMER ambiente de la búsqueda
environment(duplica)

## <environment: 0x2d895f8>

# El SEGUNDO ambiente de la búsqueda: padre del anterior
parent.env(environment(duplica))

## <environment: R_GlobalEnv>

# .. otra vez el SEGUNDO, sólo para comparar
environment(Construye.multiplicador)

## <environment: R_GlobalEnv>

# TERCER ambiente: otro nivel en la jerarquía
parent.env(parent.env(environment(duplica)))

## <environment: package:tcltk>
## attr(,"name")
## [1] "package:tcltk"
## attr(,"path")
## [1] "/usr/lib/R/library/tcltk"
```

```
# CUARTO ambiente: ...y otro nivel mas en la jerarquía:
parent.env(parent.env(parent.env(environment(duplica))))

## <environment: package:knitr>
## attr(,"name")
## [1] "package:knitr"
## attr(,"path")
## [1] "/home/checo/R/x86_64-pc-linux-gnu-library/3.1/knitr"
```

El primer ambiente, corresponde al de la función `duplica()` propiamente; la identificación que se muestra de éste, no nos dice mucho, pero creednos, se trata del ambiente de la función original. El segundo ambiente, al que se ha llegado por dos caminos distintos en el código anterior y que es el ambiente padre del primero, corresponde al de la función `Construye.multiplicador()`; se trata del ambiente global. A partir del ambiente global, los subsecuentes, son en orden los de la lista que se se puede obtener con la función `search()`. Como ejemplo, aquí sólo se han desplegado dos, el tercer y cuarto ambientes en la búsqueda, y cuya identificación se puede constatar en la lista provista por `search()`, en la sección 5.2.1 en la página 97.

5.4. Recursividad

En matemáticas es común encontrar definiciones de algunos conceptos mediante lo que se conoce como relaciones de recurrencia (Hazewinkel [2001]). Por ejemplo, considérese el factorial de un número, por decir, el 5: $5! = 5 \times 4 \times 3 \times 2 \times 1 = 120$. De manera general, el factorial se define mediante una relación de recurrencia así:

$$n! = \begin{cases} 1 & \text{si}, n = 0 \\ n(n-1)! & \text{si}, n > 0 \end{cases} \tag{5.1}$$

En programación este concepto se implementa mediante una técnica conocida como recursividad (Dijkstra [1960]), la que, en términos sencillos, se puede ver como la posibilidad de una función de llamarse o invocarse a sí misma. Para el caso del factorial, en R, esta función se puede programar de la siguiente manera:

```
MiFact <- function(n) {
    if (n==0) return (1) # salida inmediata
    if (n > 0) return (n*MiFact(n-1))
    return (NULL) # caso fallido
}
# Ahora se usa la función con 5 y 8
MiFact(5)
```

```
## [1] 120

MiFact(8)

## [1] 40320

MiFact(-20)

## NULL
```

Para poder utilizar adecuadamente esta técnica, necesariamente debe existir en la función por lo menos una salida *no recursiva*, que en el caso del ejemplo está dada por la condición `if (n==0) ...`. Por otra parte, se debe tener cuidado con casos que pudieran llevar a una *recursión infinita*, que en el ejemplo se ha resuelto para números negativos o cualquier otra cosa regresando un resultado NULL[7].

Otro ejemplo, que se abordó en la sección 4.2.4 en la página 68, con una técnica de programación diferente, es el de la generación de los números de Fibbonacci. La definición matemática es la siguiente:

$$\mathcal{F}(n) = \begin{cases} 1 & \text{si}, n = 0 \\ 1 & \text{si}, n = 1 \\ \mathcal{F}(n-2) + \mathcal{F}(n-1) & \text{si}, n > 1 \end{cases} \tag{5.2}$$

Nuevamente, la *traducción* de esta definición al código recursivo de R es casi directa, como se muestra a continuación:

```
fibbonacci <- function(n) {
    if (n %in% c(0,1))
        return (1) # salida no recursiva
    if (n > 1)
        return (
            fibbonacci(n-2) +
            fibbonacci(n-1)
        )
    return (NULL) # caso fallido
}
# Ahora usemos la función:
fibbonacci(8)

## [1] 34

fibbonacci(10)

## [1] 89
```

[7] El lenguaje tiene su propia función para la generación de factoriales de números, a saber: `factorial()`.

año	precip	año	precip	año	precip	año	precip
1970	81.2	1981	190	1992	119.5	2003	158.3
1971	104	1982	89	1993	99	2004	144.5
1972	63.5	1983	108.4	1994	130.5	2005	99.4
1973	188.9	1984	43.8	1995	89.4	2006	196.5
1974	48.1	1985	87	1996	176.8	2007	114.3
1975	95.1	1986	64.6	1997	234.8	2008	133.2
1976	261.9	1987	26	1998	227.8	2009	136.7
1977	78.3	1988	66.5	1999	164.4	2010	22.6
1978	145.4	1989	101	2000	86.8		
1979	54.8	1990	131.5	2001	64.7		
1980	76.7	1991	118.1	2002	111.4		

Figura 5.4: Precipitaciones promedio acumuladas en el mes de octubre en el estado de Guerrero en mm

Los ejemplos que se han mostrado aquí son sencillos. Los problemas que se pueden resolver mediante esta técnica, sin embargo, pueden ser bastante complejos. Así, de momento, baste con saber que existe esta posibilidad, para emplearla cuando se requiera de ella.

5.5. Ejemplo: ajuste de datos a una función de distribución

En las secciones anteriores se ha visto a grandes rasgos los principales temas referentes a la construcción de funciones. Así, se está ya en condiciones de abordar un ejemplo que haga uso de todos estos conceptos. De este modo, en la presente sección se propone un ejemplo que tiene que ver con un interesante tema de la estadística: las funciones de densidad y distribución de probabilidades. Este tema y los demás referentes a la estadística, que se presentan en esta sección se pueden estudiar a mayor profundidad en Walpole et al. [2012].

Para darle mayor atractivo a esta sección, se usarán, sin profundizar, algunos de los conceptos que se verán en el siguiente capítulo y que tienen que ver con el tema de la producción de gráficos en R.

5.5.1. Histogramas de frecuencias

Para entender este concepto, se introduce aquí un juego de datos correspondiente a las precipitaciones promedio acumuladas para el mes de octubre del año 1970 al año 2010, en el estado de Guerrero. La tabla correspondiente a estos datos se muestra en la Fig. 5.4. En una escala de tiempo, estos valores de precipitación se pueden visualizar como se muestra en la Fig. 5.5.

Un histograma es una representación gráfica de la frecuencia con que ocurren los valores, categorizados como intervalos, de alguna variable aleatoria. Por ejemplo, en la tabla de la Fig. 5.4, la variable aleatoria es la precipitación, y un histograma, correspondiente a sus valores, en R se puede producir como se muestra a continuación.

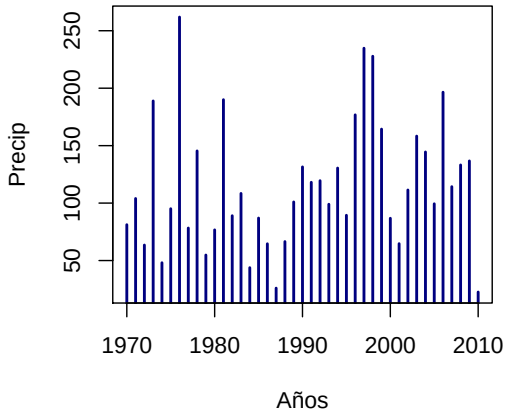


Figura 5.5: Gráfico, serie de tiempo, de las precipitaciones mostradas en la Fig. 5.4

Primeramente, si se supone que la información se encuentra en un archivo de nombre "PrecipOctGro.txt", su lectura para cargar un *data frame* se hace con:

```
pp <- read.table("PrecipOctGro.txt")
head(pp)  # para verificar los primeros 6 renglones

##      Precip
## 1970   81.2
## 1971  104.0
## 1972   63.5
## 1973  188.9
## 1974   48.1
## 1975   95.1
```

Ahora, para la producción del histograma no se requiere del año en el que se tuvo tal o cuál precipitación; esto es, sólo interesan los valores de las precipitaciones.

```
hh <- hist(pp$Precip, breaks = 15)
```

El resultado de la aplicación de la función `hist()`, se puede ver en la Fig. 5.6. El argumento `breaks=15`, le indica a la función *más o menos* cuántas barras producir, o sea, en cuántos intervalos se dividirán los datos. Si este argumento no se proporciona, el lenguaje seleccionará un valor *adecuado*. Como se puede ver en la figura, el número de intervalos resultantes para este caso fue 13, un

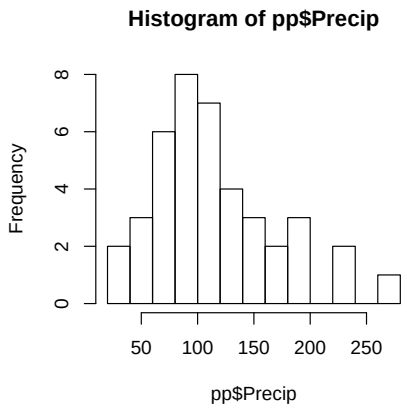


Figura 5.6: Histograma de precipitaciones para el estado de Guerrero en octubre

número más o menos cercano al sugerido. No nos detendremos aquí a revisar la especificación de los títulos principal y de los ejes de la figura, pues esto se verá en un capítulo posterior.

En el código para producir el histograma, se ha asignado el *resultado* de la función `hist()`, a la variable `hh`. De no haberlo hecho, la gráfica correspondiente, mostrada en la Fig. 5.6, se hubiera producido de cualquier manera. La ventaja de guardar el resultado, es que se puede contar con la información empleada para construir el histograma. En seguida se muestra el contenido de tal variable.

```
hh

## $breaks
##  [1]  20  40  60  80 100 120 140 160 180 200 220 240 260 280
##
## $counts
##  [1] 2 3 6 8 7 4 3 2 3 0 2 0 1
##
## $density
##  [1] 0.002439 0.003659 0.007317 0.009756 0.008537 0.004878
##  [7] 0.003659 0.002439 0.003659 0.000000 0.002439 0.000000
## [13] 0.001220
##
## $mids
##  [1]  30  50  70  90 110 130 150 170 190 210 230 250 270
##
## $xname
```

```
## [1] "pp$Precip"
##
## $equidist
## [1] TRUE
##
## attr(,"class")
## [1] "histogram"
```

De momento interesan los elementos `$breaks` y `$counts` de la variable `hh`. El elemento `$breaks`, indica en qué valores se *rompen* los intervalos de la variable aleatoria. En este caso, por ejemplo, los dos primeros intervalos, serían: $20 < precip \leq 40$ y $40 < precip \leq 60$. El elemento `$counts`, indica la frecuencia de aparición del valor asignado a cada intervalo. Así, por ejemplo, los valores de `$counts` correspondientes a los dos primeros intervalos son 2 y 3, respectivamente, lo que indica que, de los datos originales, hay dos precipitaciones entre 20 y 40 mm, y hay tres entre 40 y 60 mm, y así para todos los otros casos.

Una alternativa en los histogramas, consiste en el uso de la densidad en vez de la frecuencia, definida como, la frecuencia, o número de ocurrencias para un intervalo, dividida entre el número total de ocurrencias y entre el ancho del intervalo, de manera que la suma total de las áreas de las barras del histograma sea la unidad. Por ejemplo, para el primer intervalo, este valor sería: $2/(41 \cdot 20) = 0.002439$. De hecho, en el código anterior, el elemento `$density` de la variable `hh`, muestra cada uno de estos valores. Para producir este diagrama, basta con definir el argumento `freq` en la función `hist()`, como FALSO, como se muestra a continuación.

```
hist(pp$Precip, breaks = 15, freq = FALSE)
```

Ahora, este nuevo resultado de la aplicación de la función `hist()`, se puede ver en la Fig. 5.7. Nótese que este diagrama es igual que el anterior, solamente con un cambio de escala en el eje de las ordenadas. Lo interesante de esta versión es que ahora se puede hablar no en términos absolutos, sino de porcentajes. Por ejemplo, si se toman los intervalos consecutivos del 3 al 5 y se suman las densidades correspondientes y se multiplica ese valor por el ancho del intervalo, lo que corresponde al área de las tres barras, se puede decir que el 51.22 % de las precipitaciones estuvo entre 60 y 120 mm durante el período de las observaciones.

5.5.2. Densidades y distribuciones de probabilidades

Con referencia al ejemplo anterior, se puede ver que, en general el número de observaciones de las que se puede disponer es limitado: 41, para este caso. Si, hipotéticamente, se pudiera contar con un número infinito de observaciones, el ancho de los intervalos podría reducirse a un valor muy cercano a cero y en vez de la gráfica tipo escalera de la Fig. 5.7, se podría tener una gráfica

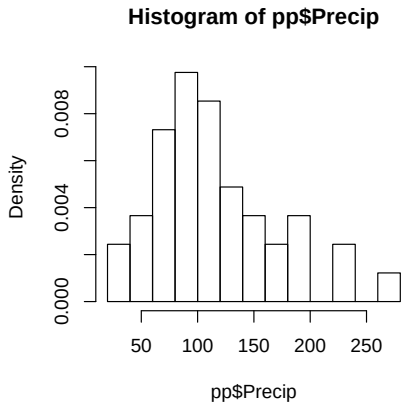


Figura 5.7: Histograma de precipitaciones para el estado de Guerrero en octubre

continua, posiblemente semejante a la que se muestra en la Fig. 5.8, y cuya área total debajo de la curva fuese la unidad. Si, además de eso, se pudiera afirmar que esa curva es representativa no sólo de lo que ha ocurrido históricamente, sino de lo que pudiera ocurrir en el futuro, estaríamos frente al concepto que se conoce como *funciones de densidad de probabilidades*[8] . De igual manera que se hizo en la sección anterior, sólo que hablando en términos de probabilidades, si en la Fig. 5.8, se pudiera evaluar el área bajo la curva, entre a y b y esa fuera A, se podría decir que la precipitación tiene una probabilidad A de estar entre los valores a y b. Desde luego que, para evaluar esa área, en este caso sería necesario recurrir a las nociones del cálculo integral.

Desde hace algunos siglos, los matemáticos, como de Moivre, Gauss y Laplace, han desarrollado diversos conceptos al rededor de este tema. De hecho a Gauss se le atribuye la formulación de las funciones de *densidad y distribución normal* de probabilidades. Ambas funciones dependen sólo de dos parámetros estadísticos: la media, μ, y la desviación estándar, σ. En seguida se muestra la fórmula de la función de densidad normal de probabilidades.

$$\phi(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}\left(\frac{x-\mu}{\sigma}\right)^2}$$

Cuando se trabaja con datos de observaciones, se suele usar la media aritmética en vez de μ, y la desviación estándar de las observaciones en lugar de

[8]Las funciones de *distribución* de probabilidades son simplemente el acumulado de las funciones de densidad de probabilidades. Si $p(y)$ es la función de densidad de probabilidades de una variable aleatoria y, entonces la función de distribución de probabilidades está dada por $P(y) = \int_{-\infty}^{x=y} p(x)dx$ (c.f. Walpole et al. [2012] p. 90). En R, las funciones `dnorm()` y `pnorm()`, son las funciones de densidad y distribución *normales* y `dgamma()` y `pgamma()`, son las funciones de densidad y distribución *gamma*.

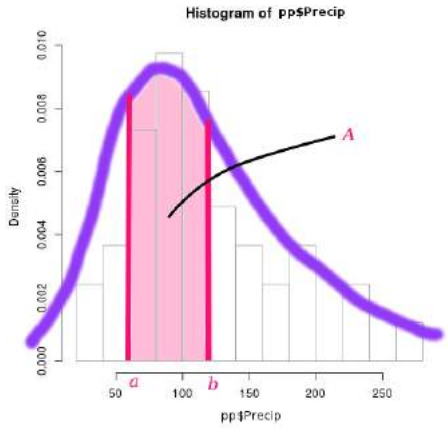


Figura 5.8: Ajuste del histograma a una curva continua

σ. Estos valores, para el conjunto de datos que se ha venido manejando, son:

```
( mu <- mean(pp$Precip) )  # media

## [1] 115.5

( sigma <- sd(pp$Precip) ) # desviación estandar

## [1] 56.01
```

En R, la función de densidad normal de probabilidades es `dnorm()`, y si se quiere saber su valor para varias precipitaciones, se puede hacer como sigue:

```
valores <- c(20, 50, 115, 150, 200) # precipitaciones
dnorm(valores, mu, sigma)

## [1] 0.001666 0.003597 0.007122 0.005890 0.002281
```

Como μ y σ no varían para un conjunto de observaciones dado, conviene hacer una función que solamente dependa de un solo argumento, x.

```
dnormX <- function(x) dnorm(x, mu, sigma)
dnormX(valores)

## [1] 0.001666 0.003597 0.007122 0.005890 0.002281
```

Graficar una función como ésta, en R es sencillo y se hace mediante la función `curve()`. Para obtener una buena gráfica de la función de densidad normal de probabilidades, conviene saber que, más o menos, el rango de valores de las

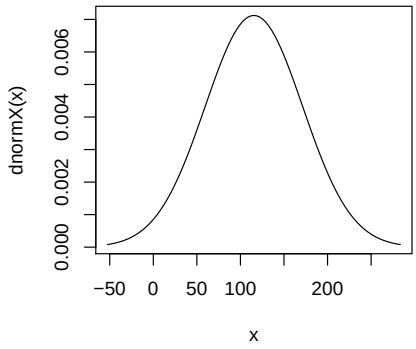


Figura 5.9: Gráfica de la función de densidad normal de probabilidades

abscisas estará entre $\mu - 3\sigma$ y $\mu + 3\sigma$. Esos límites se pueden fijar en la función `curve()`, mediante el parámetro `xlim`. Tal como se puede observar en el código siguiente, cuya salida gráfica se muestra en la Fig. 5.9.

```
lims <- c(mu - 3 * sigma, mu + 3 * sigma)
curve(dnormX, xlim = lims)
```

La pregunta que surge es: ¿qué tan bien representa la función de distribución de probabilidades, los hechos manifestados por el histograma para un conjunto de observaciones dado? Para responder esta pregunta, por lo menos cualitativamente, conviene sobreponer las dos gráficas, y esto se puede hacer como se muestra en el siguiente código, cuya representación gráfica se muestra en la Fig. 5.10.

```
# Nótese que ahora los límites: lims, se imponen a la primer
# gráfica que se produce, en este caso, al histograma.
hist(pp$Precip, breaks = 15, freq = FALSE, xlim = lims)
# En lo que sigue, el argumento add=TRUE, indica que la curva
# se agrega al gráfico anterior
curve(dnormX, add = TRUE)
```

Aunque a simple vista, parece que la curva correspondiente a la función de densidad de probabilidades, se ajusta bastante bien al histograma; no obstante, se puede observar en la Fig. 5.10, que la curva de la función cruza la línea vertical roja correspondiente al valor de precipitación 0, por encima de la línea azul correspondiente a la densidad 0. Así, la función estaría diciendo que hay cierta probabilidad de que haya precipitaciones negativas; lo cual, por supuesto, es imposible.

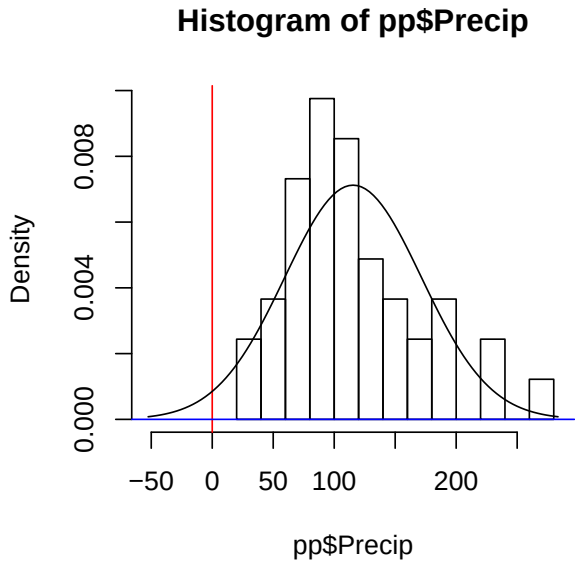


Figura 5.10: Combinación del histograma con la función de densidad normal de probabilidades

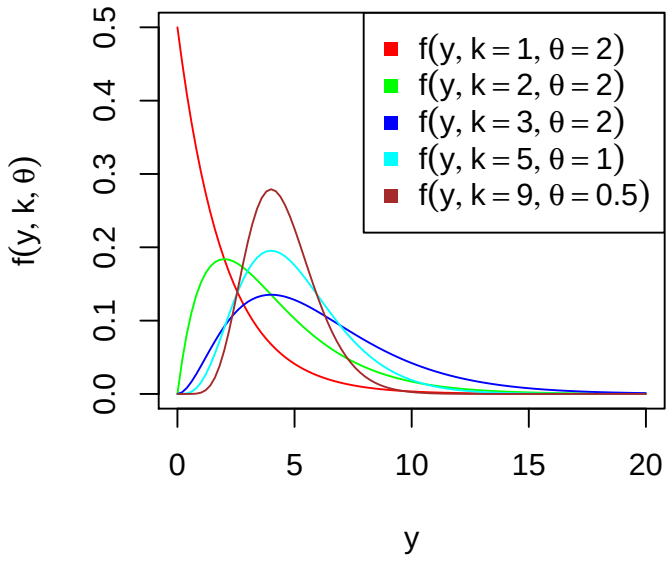


Figura 5.11: Funciones de densidad de probabilidades Gamma para distintos valores de parámetros

5.5.3. Funciones de densidad y distribución de probabilidades Gamma

Las funciones de densidad y distribución de probabilidades Gamma, describen de una mejor manera el comportamiento de las precipitaciones que no tienden a presentar una simetría, típica de las funciones de densidad normales, sino que se *abultan* cerca del cero sin rebasar hacia los valores negativos. La Fig. 5.11, muestra la apariencia de estas funciones para distintos valores de sus parámetros.

¿Cómo se podría ajustar una de estas funciones al conjunto de datos del ejemplo? Lo primero que se tiene que conocer es la fórmula para calcular dicha función, que es la siguiente:

$$f(x;k,\theta) = \frac{x^{k-1}e^{-x/\theta}}{\theta^k \Gamma(k)}$$

donde, $\Gamma(k)$ es la función gamma evaluada en k.

Independientemente de manera como se calcula esta función, lo importante a notar aquí es que, al igual que la función de densidad de probabilidades

normal, depende de dos parámetros, pero, en este caso los parámetros son k y θ, denominados parámetros de forma (*shape*) y de escala (*scale*), respectivamente, y no la media y la desviación estándar. Sin embargo, los datos se han caracterizado en términos de su media y su desviación estándar.

Para resolver este asunto, se debe notar que toda función de densidad de probabilidades tiene a su vez una media y una desviación estándar, o una varianza, que para el caso de la función de densidad Gamma son, respectivamente, como sigue:

$$\mu = k\theta \tag{5.3}$$

$$v = \sigma^2 = k\theta^2 \tag{5.4}$$

De esta manera, se tienen dos ecuaciones, no lineales, que describen μ y v en términos de los parámetros k y θ. Ahora, el tema interesante sería poder expresar los parámetros k y θ, en términos de μ y v, que son los valores que se pueden calcular a partir de nuestros datos. Como, en este caso, las ecuaciones son bastante simples, por pura manipulación algebraica, se puede llegar a las siguientes expresiones para k y θ:

$$\theta = \frac{v}{\mu} \tag{5.5}$$

$$k = \frac{\mu^2}{v} \tag{5.6}$$

Esto resolvería nuestro problema, si quisiéramos hacerlo exclusivamente para la función de densidad de probabilidades Gamma. Sin embargo, si lo queremos desarrollar aquí es un procedimiento más general, tal que dados los valores de μ y v, pudiésemos encontrar los valores de los parámetros de la función de densidad, tendríamos que resolver cualquier el sistema de ecuaciones no lineales, como el de la ecuaciones 5.3 y5.4, por medio de algún método numérico. Esto es lo que se desarrollará en las siguientes secciones.

5.5.4. El método de Newton-Raphson para la solución de sistemas de ecuaciones no lineales

El método numérico de Newton-Raphson, se usa para encontrar las raíces de alguna función arbitraria, $f(x)$; esto es, encontrar el valor o valores de x cuando $f(x) = 0$. Su formulación en ese caso es como sigue[9]:

$$x_{n+1} = x_n - \frac{f(x_n)}{f'(x_n)} \tag{5.7}$$

o bien:

[9]Los fundamentos del método de Newton-Raphson y su aplicación al caso de los sistemas de ecuaciones no lineales se pueden consultar en Chapra and Canale [2010] pp. 169-171, y una buena explicación de este método también se puede encontrar en Broyden [1965].

$$x_{n+1} = x_n - \frac{1}{f'(x_n)} f(x_n) \tag{5.8}$$

donde, x_{n+1} es el valor de x para la siguiente iteración, calculado a partir del valor anterior x_n, y $f'(x_n)$, es el valor de la derivada de la función en x_n.
Si lo que se tiene, en vez de $f(x)$, es un sistema de m ecuaciones, cada una con m variables, representado probablemente por el vector $\mathbf{x}$, de dimensión m; y el sistema entonces representado por la función vectorial $\mathbf{F}(\mathbf{x})$, en este caso, el método de Newton-Raphson, se formula así:

$$\mathbf{x}_{n+1} = \mathbf{x}_n - [\mathbf{J}_\mathbf{F}(\mathbf{x}_n)]^{-1} \times \mathbf{F}(\mathbf{x}_n) \tag{5.9}$$

Nótese que aquí, en vez de usar la derivada de la función se está empleando $\mathbf{J}_\mathbf{F}(\mathbf{x}_n)$, que es la matriz Jacobiana de la función evaluada en $\mathbf{x}_n$, y cuya definición se verá más adelante.

En la forma que se presenta en la ecuación 5.9, el método implica la inversión de una matriz y varias operaciones más. Numéricamente, es más conveniente, por medio de algunas manipulaciones algebraicas, transformar dicha formulación a la siguiente:

$$\mathbf{J}_\mathbf{F}(\mathbf{x}_n) \times \mathbf{\Delta x}_{n+1} = -\mathbf{F}(\mathbf{x}_n) \tag{5.10}$$

donde, $\mathbf{\Delta x}_{n+1} = \mathbf{x}_{n+1} - \mathbf{x}_n$. Así formulado ahora el método, como se ha mostrado en la ecuación 5.10, el problema consiste en resolver el sistema de ecuaciones lineales, para encontrar el vector de *incrementos*, desconocido $\mathbf{\Delta x}_{n+1}$.

Dado que la matriz Jacobiana *se usa* en vez la derivada en el caso del método para un sistema de ecuaciones (compárese las ecuaciones 5.8 y 5.9), como era de esperarse, ella está definida en términos de las distintas derivadas parciales de $\mathbf{F}(\mathbf{x})$:

$$\mathbf{J}_\mathbf{F}(\mathbf{x}) = \begin{bmatrix} \frac{\partial F_1}{\partial x_1} & \cdots & \frac{\partial F_1}{\partial x_m} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial F_m}{\partial x_1} & \cdots & \frac{\partial F_m}{\partial x_m} \end{bmatrix} \tag{5.11}$$

Afortunadamente, ni el cálculo de la matriz Jacobiana, ni la solución del sistema de ecuaciones o la inversión de la matriz, se tienen que hacer partiendo de cero; existen en R, las funciones y las bibliotecas apropiadas para resolver cada uno de estos asuntos.

5.5.5. Implementación del método en R

El lenguaje provee directamente la mayoría de la operaciones que se requieren para implementar el método, excepto por el cálculo de la matriz jacobiana.

Ese cálculo se puede encontrar en el paquete "numDeriv" (Gilbert and Varadhan [2012]), que está disponible en el sitio de CRAN[10]. R, puede instalar paquetes de ese sitio, mediante el sencillo llamado a la función `install.packages()`, como se muestra en seguida.

```
install.packages("numDeriv")
```

La instrucción anterior descarga, de algún repositorio remoto el paquete y lo instala en el ambiente de R. Para usarlo, sin embargo, es necesario incluirlo en la ejecución, por medio del llamado a la función `library()`, como se muestra a continuación.

```
library(numDeriv)
# Notese que aquí el nombre de la biblioteca no va
# entrecomillado.
```

La función `jacobian()`, tiene dos argumentos principales, a saber, una función, `func`, con un resultado vectorial, y un vector, `x`, que sería el argumento de `func`, y que indica el punto en el que se quiere la evaluación de la matriz jacobiana.

Para poner todo esto en contexto, se propone aquí un ejemplo, con las siguientes dos ecuaciones no lineales:

$$\begin{aligned} x^2 + yx - 10 &= 0 \\ y + 3xy^2 - 57 &= 0 \end{aligned} \tag{5.12}$$

Podemos poner esto en términos de una función vectorial $\mathbf{F}(\mathbf{p})$,[11] tal que $x = p_1, y = p_2$, y entonces el sistema anterior se puede expresar como:

$$\mathbf{F}(\mathbf{p}) = \begin{array}{l} p_1^2 + p_2 p_1 - 10 \\ p_2 + 3p_1 p_2^2 - 57 \end{array} = \mathbf{0} \tag{5.13}$$

La traducción de una función como ésta al código de R, es casi directa:

```
miFun <- function(p) c(p[1]^2 + p[1]*p[2] - 10,
                       p[2] + 3*p[1]*p[2]^2 - 57)

# y se puede evaluar en un punto cualquiera
# por ejemplo
p_tst <- c(1.5, 3.5) # x=1.5, y=3.5
miFun(p_tst)

## [1] -2.500  1.625
```

[10] CRAN es *The Comprehensive R Archive Network* y su sitio es http://cran.r-project.org/

[11] Aquí, $\mathbf{p} = (p_1, p_2)$.

Nótese que el valor de la función es diferente del vector **0**, lo que indica que los valores dados, no son una solución del sistema de ecuaciones 5.13.

Ahora, la matriz jacobiana de la función anterior, evaluada en el mismo punto del ejemplo, se calcula de manera muy simple así:

```
jacobian(miFun, p_tst)
```

```
##       [,1] [,2]
## [1,]  6.50  1.5
## [2,] 36.75 32.5
```

Para implementar el método, se tienen dos posibilidades. Tanto la ecuación 5.9 como la 5.10, proporcionan una forma para calcular el siguiente valor del vector **x** a partir de un valor anterior. Aquí se hará de la manera que lo indica la ecuación 5.10, que es numéricamente la más *económica*. De esta forma, el método establece que se debe resolver el sistema de ecuaciones descrito por la ecuación 5.10 para encontrar el incremento que se debe aplicar al vector **x** y obtener así un nuevo valor, lo que en R se hace con la función `solve()`. Así, si el valor inicial del vector, fuera, para el ejemplo, `p_tst`, y el sistema de ecuaciones, fuera el descrito por la ecuación 5.13 y, en el código, por `miFun`, el procedimiento para obtener el siguiente valor es:

```
incremento <- solve(jacobian(miFun, p_tst), -miFun(p_tst))
# El incremento es:
incremento
```

```
## [1]  0.5360 -0.6561
```

```
siguiente_p <- p_tst + incremento
# Y el siguiente valor de p es:
siguiente_p
```

```
## [1] 2.036 2.844
```

Para que el procedimiento sea general, la función podrá ser cualquiera que represente un sistema de m ecuaciones no lineales, con m incógnitas. Por consiguiente conviene escribir una función de la siguiente manera:

```
sigDx <- function(ff, x) {
    solve(jacobian(ff, x), -ff(x))
}
# y podemos obtener los mismos resultados que antes con:
(siguiente_p <- p_tst + sigDx(miFun, p_tst))
```

```
## [1] 2.036 2.844
```

Para concluir el método, lo anterior se tiene aplicar iterativamente, y para determinar la salida del ciclo de iteraciones se deben aplicar criterios de

aproximación de los valores encontrados. Estos criterios se aplicarán sobre el módulo del incremento, ya que si este es cero entre dos iteraciones consecutivas, se habrán encontrado los valores buscados. Se podrá optar entre dos criterios: el simple valor absoluto del módulo del incremento, o un valor relativo al módulo del vector encontrado. De este modo, la función para el método de Newton-Raphson queda como sigue:

```
# Función para cálculo del módulo o magnitud de un vector
modulus <- function(x) sqrt(sum(x^2))

NwtRph <- function(ff, x0, eps=0.0001, lim=500, absComp=F) {
  n <- 0 # numero de iteración
  repeat { # repetición infinita
    difx <- sigDx(ff, x0) # diferencia de la sig. aprox.
    x <- x0 + difx # la siguiente aproximación
    # Hacemos el módulo de la diferencia para checar
    r <- modulus(difx) # distancia entre x y x0
    # Comparación absoluta o relativa
    if (absComp) { # <-absoluta
      if (r <= eps) return(x)
    } else { # <-relativa
      if (r <= eps*modulus(x0)) return(x)
    }
    # si llega al máximo de iteraciones
    # salimos con null
    if (n > lim) return (NULL)
    n <- n+1
    x0 <- x # para la siguiente iteración
  }
}

# Apliquemos para nuestro ejemplo, tomando
# p_tst, como valor inicial:
p <- NwtRph(miFun, p_tst)
print(p) # <- SOLUCIÓN

## [1] 2 3
```

5.5.6. Ajuste a la función de densidad de probabilidades

Para concluir el ejemplo, se hará ahora el ajuste, con los parámetros estadísticos de los datos, a la función Gamma de densidad de probabilidades. Así, lo primero que se necesitará serán los parámetros estadísticos, la media y la varianza en este caso, de los datos que se han introducido, como ejemplo, en la sección 5.5.1.

```
( mu <- mean(pp$Precip) ) # media

## [1] 115.5

( vz <- var(pp$Precip) ) # varianza

## [1] 3137
```

El sistema de ecuaciones que debemos resolver se deriva de las expresiones dadas en la ecuaciones 5.3 y 5.4, pero se tiene que expresar a la manera de los sistemas de ecuaciones mostrados en las ecuaciones 5.12 y 5.13, o sea, de 5.3 y 5.4 se obtiene:

$$\begin{aligned} k\theta - \mu &= 0 \\ k\theta^2 - v &= 0 \end{aligned} \tag{5.14}$$

y si se hace $k = p_1, \theta = p_2$, se puede, igual que antes, tener una función vectorial $\mathbf{F}(\mathbf{p})$, así:

$$\mathbf{F}(\mathbf{p}) = \begin{matrix} p_1 p_2 - \mu \\ p_1 p_2^2 - v \end{matrix} = \mathbf{0} \tag{5.15}$$

que, de manera casi inmediata, se puede traducir al código de R así:

```
miFun <- function(p) c(p[1]*p[2] - mu,
                       p[1]*p[2]^2 - vz)
```

Si ahora, se considera como primera aproximación $\mathbf{p} = (k, \theta) = (5, 10)$, simplemente se aplica, la función `NwtRph()`, desarrollada con anterioridad, así:

```
p0 <- c(5, 10)
p <- NwtRph(miFun, p0)
print(p)

## [1]  4.25 27.17
```

Así, los parámetros de la función de densidad de probabilidades Gamma son: k =4.2503, θ =27.168. Como una curiosidad, nótese que estos valores son los mismos que se hubieran obtenido de aplicar las ecuaciones 5.5 y 5.6.

Para terminar, combinaremos el histograma de nuestros datos, con la curva de la función de densidad de probabilidades Gamma correspondiente a los parámetros encontrados.

La función `curve()`, descrita de manera breve en la sección 5.5.2 en la página 110, permitirá graficar la curva de la función de densidad Gamma. No obstante, para ello se necesita definir esa función de densidad, en términos de un sólo argumento, esto es, la variable aleatoria, de la siguiente manera:

```
dgammaX <- function(x) dgamma(x, shape=p[1], scale=p[2])
```

Y, ahora sí, ya se puede proceder a hacer la gráfica combinada, de la manera siguiente:

```
# PRIMERO el histograma:
hist(pp$Precip, breaks=15, freq=FALSE)
# Aqui, 'hist' no necesita el argumento 'xlim', ya
# que, como se verá en la gráfica la f. de densidad
# Gamma, se apega de mejor manera a los datos, o sea,
# al histograma.

# LUEGO, la función de densidad:
curve(dgammaX, add=TRUE)
```

El resultado del código anterior, es parecido al que se muestra en la Fig. 5.12 en la página siguiente; sólo que en ésta, con un poco de azúcar visual, como los colores, sombreados y títulos, que son materia de un próximo capítulo.

El método que se ha mostrado aquí para ajustar un conjunto de datos a una curva de densidad de probabilidades no es el único. De hecho, hay disponible una biblioteca, denominada "MASS" (derivada del nombre del libro en inglés que le da origen: *Modern Applied Statistics with S,* Venables and Ripley [2002]) , que, entre otras operaciones, permite ajustar un conjunto de datos a una función de distribución cualquiera usando el método de máxima verosimilitud[12]. Con motivos de comparación se hará también aquí el ajuste usando dicho paquete. Si el paquete no se encuentra disponible ya en el intérprete, deberá instalarse por medio del siguiente código:

```
install.packages("MASS")
```

La función que hace el ajuste de la curva de acuerdo con los datos es `fitdistr()`, y básicamente los argumentos que requiere son, el conjunto de datos, la función de densidad de probabilidades a la que se quiere ajustar, y una lista con los valores iniciales de los parámetros de la función de densidad. Al hacer el ajuste, la función `fitdistr()` entrega como resultado un objeto que, entre otra información, contiene los valores obtenidos para los parámetros de la función de densidad provista. En seguida se muestra la manera de hacer la operación para el caso del ejemplo.

[12]El método de máxima verosimilitud es un método que usa técnicas de optimización para aproximar una función dada, a un conjunto de datos. El método se aborda brevemente, en otro contexto, en el capítulo 7 del presente libro, pero los detalles finos del mismo escapan los alcances del presente texto, y pueden ser consultados en el libro de referencia Venables and Ripley [2002] y en Walpole et al. [2012] pp. 307-312.

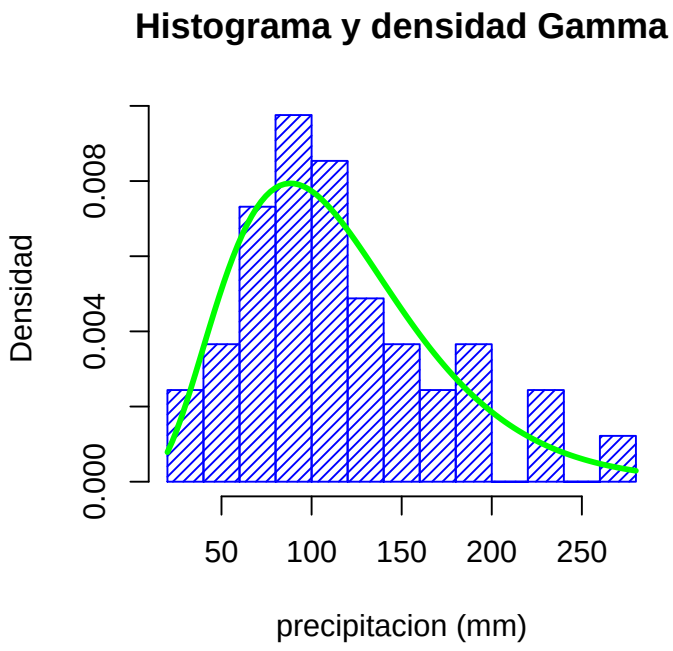


Figura 5.12: Ajuste de datos a una función de densidad de probabilidades Gamma

```
# En primer lugar se indica que se usará
# la biblioteca que contien la función fitdistr():
library(MASS)
# Se llama a la función con: (1) Los datos: pp$Precip,
# (2) La función de densidad: dgamma, y (3) una lista
# que provee los nombres de los parámetros y sus valores
# iniciales; se guarda el resultado en una variable 'ff'
ff <- fitdistr(pp$Precip, dgamma, start=list(shape=p0[1],
               scale=p0[2]))
# Veamos el contenido de la variable:
ff

##     shape     scale
##    4.1128   28.0696
##  ( 0.8725) ( 6.3318)
```

Se puede observar que, los parámetros resultantes no son iguales que los obtenidos con el método anterior; si bien, sus valores son de alguna manera semejantes. Para comparar los resultados visualmente, es conveniente tener las curvas correspondientes en un mismo gráfico. Por esta razón se elaborará también una función particular, como se hizo para el método anterior, que pueda ser graficada mediante la función `curve()`, de la siguiente manera.

```
# Los parámetros encontrados se encuentran en los componentes
# de la variable 'ff', como sigue:
#  (1) shape: ff$estimate[[1]]
#  (2) scale: ff$estimate[[2]]
# Entonces la función particular para estos parámetros es:
dgammaXX <- function(x) {
    dgamma(x, shape=ff$estimate[[1]], scale=ff$estimate[[2]])
}
```

Ahora se procede a hacer la gráfica comparativa con las dos curvas como sigue:

```
# La primera curva; agregaremos límites al
# eje X para su graficado
curve(dgammaX, col="green", lwd=2,
      ylab="Densidad",
      ylim=c(0,0.012), # Límites de Y
      xlim=c(0,max(pp$Precip))) # Límites de X
# La otra curva se agrega a la anterior,
# por eso el argumento add=T
curve(dgammaXX, col="red", lwd=2, add=T)
# Se agregará un leyenda para hacer más
# comprensible el gráfico:
```

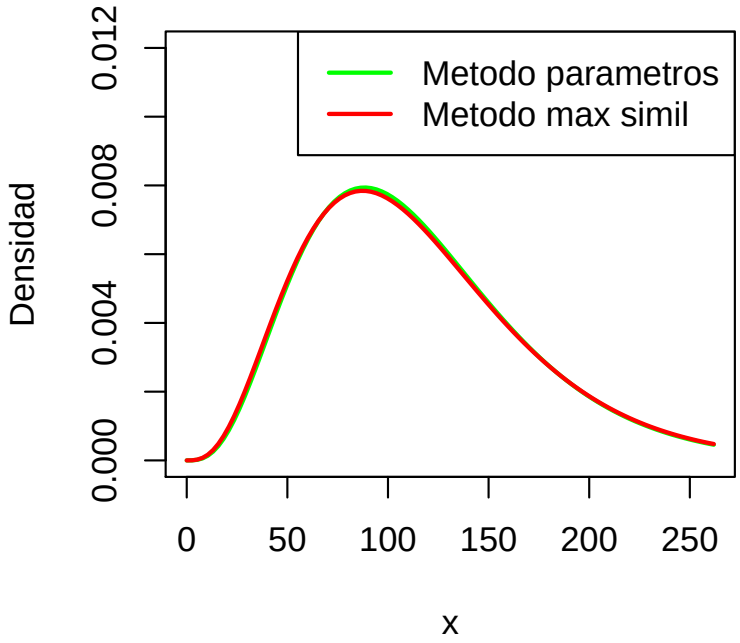


Figura 5.13: Comparación de dos métodos de ajuste de la curva de densidad de probabilidades

```
legend("topright",
       c("Metodo parametros", "Metodo max simil"),
       lwd=2, col=c("green", "red"))
```

Los resultados del código anterior se pueden apreciar en la Fig. 5.13. Nótese que la diferencia entre ambas curvas es mínima.

Capítulo 6

Graficación con R

Una de las grandes virtudes del lenguaje R, es la facilidad que ofrece para presentar la información correspondiente a los datos que maneja o a los cálculos que desarrolla, de una manera gráfica. El lenguaje cuenta, no con uno, sino con varios sistemas, en general separados, para organizar o especificar visualizaciones gráficas. En este capítulo se revisará uno de ellos, el sistema gráfico básico, que es el que está inmediatamente disponible en la instalación inicial del lenguaje. Éste, y otros sistemas gráficos disponibles en el lenguaje, se pueden consultar a más detalle en Murrell [2006], Chang [2012].

6.1. Motivación

Anteriormente, en el capítulo 5, se vio colateralmente la manera para producir histogramas sencillos, a partir de un conjunto de datos. Sin embargo, en ese capítulo, la producción de estos histogramas, se hizo sin alterar o controlar la apariencia final del gráfico resultante; esto es, se dispuso de las opciones que el sistema otorga por ausencia, o por *default*. No obstante, la Fig. 5.12 de ese capítulo, exhibe una apariencia que no es generada por el código de ejemplo que se muestra allí mismo, en la sección 5.5.6 en la página 120. La producción de la gráfica en cuestión, requiere de la alteración de las opciones que el sistema ofrece por ausencia.

En el código que se muestra a continuación se puede observar cómo se modifican algunas de las opciones de apariencia, para generar el gráfico deseado, que se presenta nuevamente en la Fig. 6.1.

```
hist(pp$Precip, freq=F, breaks=15,
     col="blueviolet", # Color de las barras
     density=30, # Densidad de sombreado de las barras
     main="Histograma y densidad Gamma", # Título
     xlab="precipitacion (mm)", # Etiqueta del eje X
     ylab="Densidad") # Etiqueta del eje Y
```

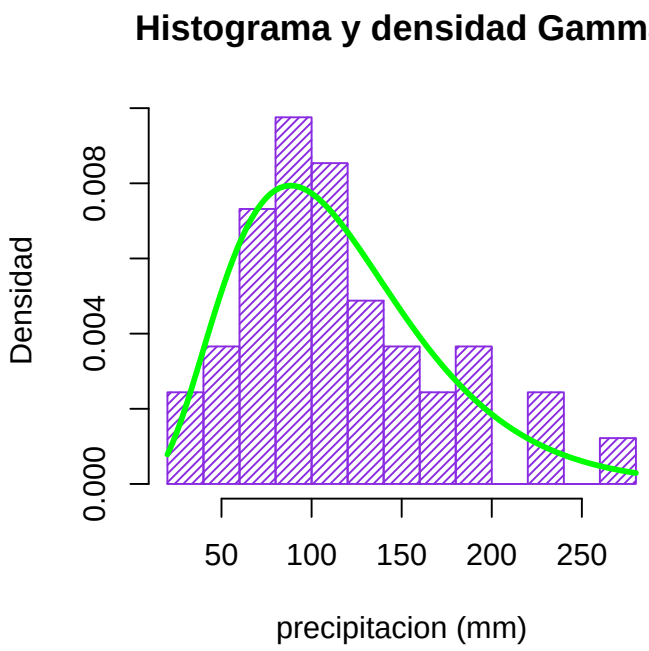


Figura 6.1: Gráfico con atributos

```
curve(dgammaX, add=T,
      col="green", # Color de la curva
      lwd=3) # Ancho de línea de la curva
```

Hasta aquí, se ha visto como producir histogramas y curvas. Existen varios otros tipos de gráficos, además de que hay muchas otras opciones para manipular su apariencia; algunos de estos tipos, así como algunas de sus opciones, se revisarán en las siguientes secciones del presente capítulo.

6.2. La función más básica de graficación: `plot()`

La función más simple para graficar es `plot()`. Antes de explicar sus posibilidades, veremos qué es lo que hace en el caso más sencillo. Para ello se empleará el mismo conjunto de datos último ejemplo del capítulo 5.

```
plot(pp$Precip) # Produce un gráfico de "dispersión"
```

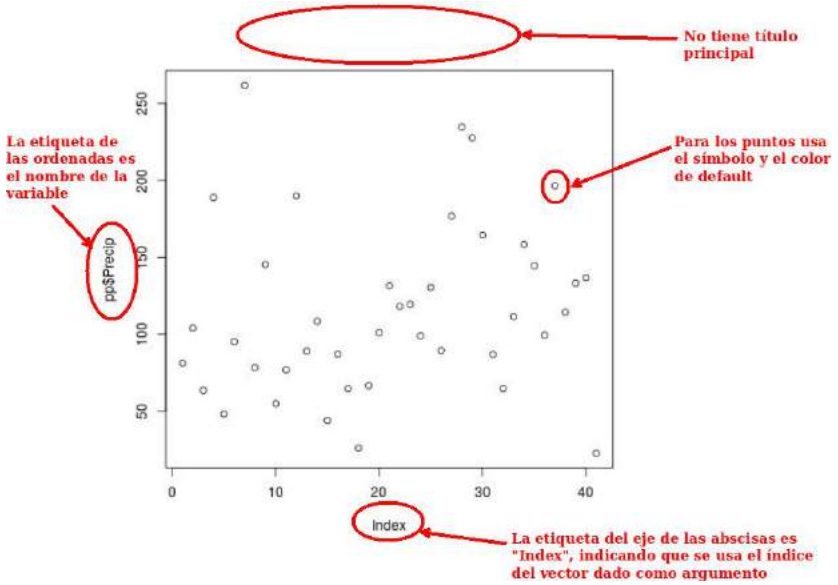


Figura 6.2: Un sencillo gráfico de *dispersión*

El resultado de la operación anterior se puede ver en la Fig. 6.2, con algunas anotaciones acerca de los valores que ha tomado el lenguaje por omisión.

En general, la función `plot()` toma como argumentos dos vectores de la misma dimensión, uno para los valores de las abscisas, `x`, y otro para los valores de las ordenadas, `y`. Sin embargo, cuando se omite uno de ellos, el lenguaje *entiende* que las abscisas serían simplemente los índices de los elementos en el vector provisto, y que las ordenadas serán, por tanto, cada uno de los elementos del vector. De igual manera, el lenguaje *supone* que lo que se quiere graficar son los puntos como tal y con el color y tipo de símbolo seleccionados por omisión. La función `plot()` tiene una gran variedad de argumentos que permiten cambiar ese comportamiento por omisión y que pueden ser consultados en línea mediante la instrucción ‘‘`?plot`’’.

En seguida, se grafica la misma información que en el gráfico anterior, pero ahora como líneas azules, y considerando como abscisas los años de los datos, que en este caso son los nombres de los renglones del *data frame* que contiene los datos, `pp`.

```
# Para el manejo de etiquetas especiales,
# con caracteres "raros para el Inglés",
lab <- "Años" # Etiqueta para las abscisas

plot(as.numeric(rownames(pp)), # las abscisas
     pp$Precip, # las ordenadas
     type="l",  # tipo de grafico: líneas
```

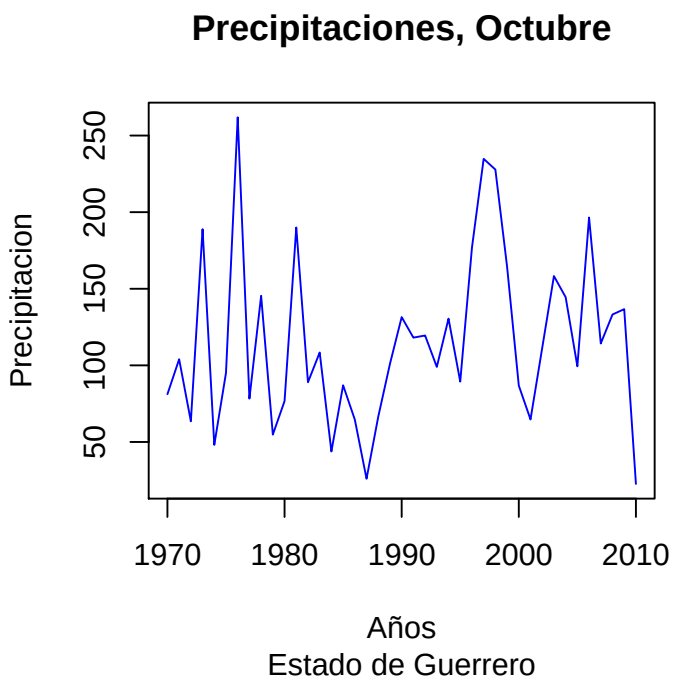


Figura 6.3: Gráfico de líneas con la misma información que en la Fig. 6.2

```
    col="blue",  # color: azul
    main="Precipitaciones, Octubre", # Título
    sub="Estado de Guerrero", # Subtítulo
    xlab=lab, # etiqueta eje X
    ylab="Precipitacion") # etiqueta eje Y
```

El resultado correspondiente al código anterior se muestra en la Fig. 6.3. Aquí, como ejemplo, se ha recurrido a proveer la etiqueta "Años", para el eje de las abscisas, por fuera del llamado a la función `plot()`, porque de otra manera el lenguaje no interpretaría correctamente que la tabla de codificación de caracteres es "UTF-8". También, cabe notar que los nombres de los renglones se han convertido a tipo numérico, ya que el vector `rownames(pp)` es de cadenas de caracteres.

En general, el gráfico más simple que se pudiera ocurrir es probablemente un gráfico *x*-*y* resultante de la aplicación de una función; por ejemplo, el gráfico de las áreas de los círculos, en función de sus radios. A continuación se muestra el código para producir ese gráfico para once radios: del 0 al 10.

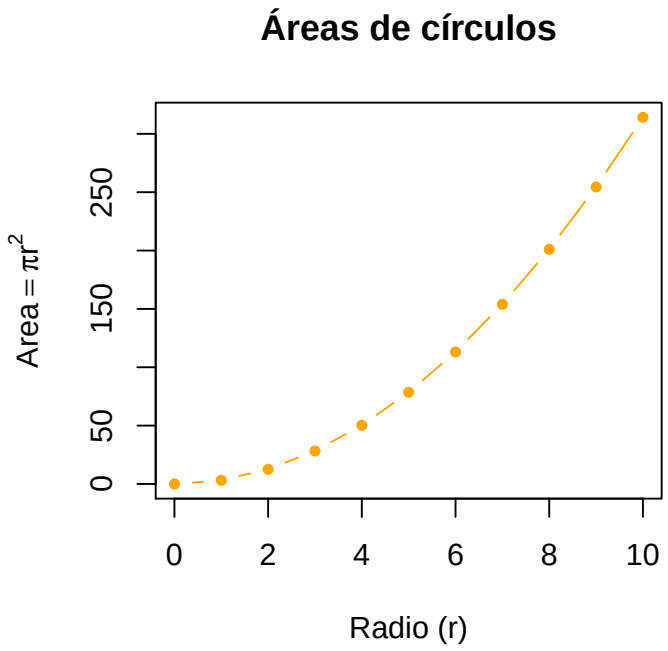


Figura 6.4: Gráfico de radios contra áreas de círculos

```
radio <- 0:10 # Vector de radios
area <- pi*radio^2 # Vector de áreas
tit <- "Áreas de círculos" # Título del gráfico
plot(radio, area, # x=radio y=area
     type="b", # "both", puntos y líneas
     main=tit,
     xlab="Radio (r)",
     ylab=expression(Area == pi*r^2), # Una expresión
     col="orange", # color (naranja)
     pch=20) # tipo de símbolo para punto
```

El resultado del código anterior se puede observar en la Fig. 6.4. En este gráfico se ha añadido como título del eje de las ordenadas una expresión matemática. Mediante el uso de la función `expression()`, el lenguaje se encarga de traducir la expresión a su representación matemática simbólica.

Nótese que en el código anterior, se ha señalado el tipo de gráfico mediante el argumento `type='b'`; esto es, se graficarán tanto los puntos como las líneas que los unen. El argumento `type` de la función `plot()` permite modificar los tipos de gráficos que se pueden producir. En la tabla que se da a continuación,

se describen dichos tipos de gráficos.

`type=`	Tipo de gráfico
‘‘`p`’’	puntos (gráfico de dispersión)
‘‘`l`’’	líneas
‘‘`b`’’	ambos (puntos y líneas)
‘‘`c`’’	sólo las líneas de `type=’’b’’`
‘‘`o`’’	puntos y líneas, sobre-graficados
‘‘`h`’’	agujas (tipo histograma)
‘‘`s`’’	función escalera (horizontal a vertical)
‘‘`S`’’	función escalera (vertical a horizontal)
‘‘`n`’’	no-grafica (sólo se grafican referencias)

La Fig. 6.5 muestra la apariencia de cada uno de esos tipos, para los mismos datos de la figura anterior.

Aparte del tipo de gráfico, hay otros parámetros para cambiar la apariencia del gráfico resultante. En la tabla siguiente se mencionan y describen algunos de los más importantes.

Parámetro	Uso/Descripción
`main`	Título *principal* del gráfico
`sub`	Subtítulo del gráfico
`xlab`	Etiqueta del eje de las abscisas
`ylab`	Etiqueta del eje de las ordenadas
`asp`	Relación de aspecto del área gráfica (y/x)
`xlim, ylim`	Vectores que indican el rango de valores en los ejes x,y
`log`	Los ejes que serán logarítmicos, p.ej., “”, “x”, “y”, “yx”
`col`	Color
`bg`	Color del *fondo*
`pch`	Símbolos para puntos
`cex`	Para escalado de símbolos de puntos
`lty`	Tipos de línea
`lwd`	Grosor de líneas

De particular interés aquí, son los símbolos empleados para los puntos y los colores. En la Fig. 6.6 se muestran los tipos de símbolos para los puntos, esto es, los valores que se pueden dar al parámetro `pch`, que pueden ser numéricos, del 0 al 25, o caracteres. En particular, los símbolos del 21 al 25 son figuras bicolores, que toman el valor del parámetro `col` para su contorno y del parámetro `bg`, para el relleno.

Para observar la utilidad del manejo de la apariencia, se presenta a continuación un ejemplo en el que se hace una gráfica que contiene dos funciones: el área y el perímetro de un círculo contra su radio. Para poder *encimar* los dos gráficos se emplea la función `lines()`; ésta permite agregar al gráfico actual otro de líneas y sus argumentos son semejantes a los de `plot()`. Además, para

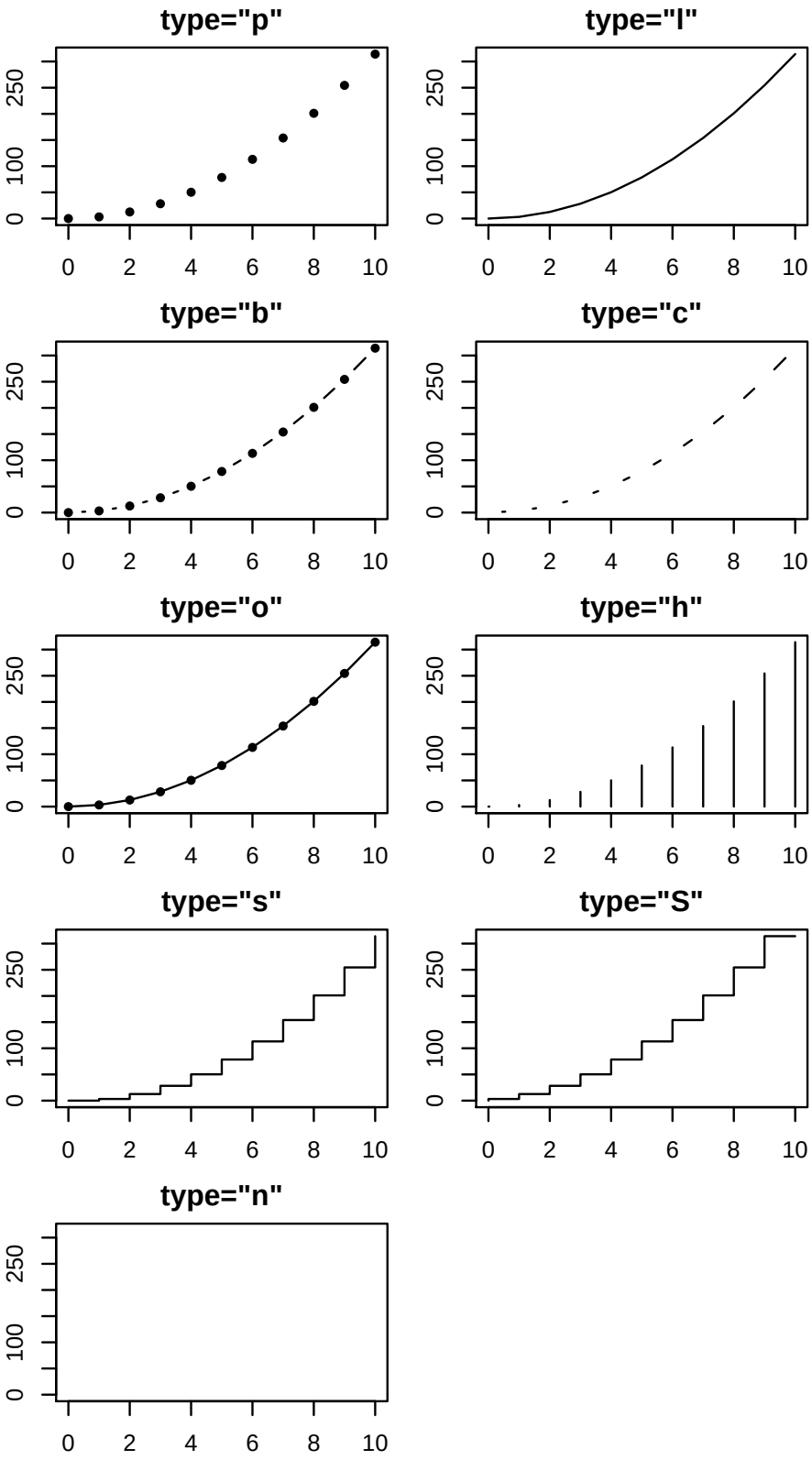


Figura 6.5: Tipos de gráficos que se pueden producir con `plot()`

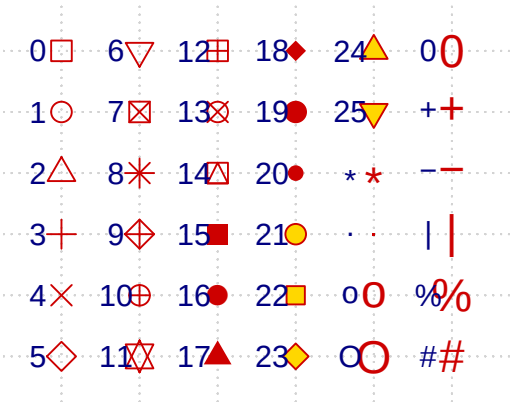


Figura 6.6: Los tipos de símbolos utilizables para puntos (`pch`)

distinguir una curva de la otra resulta muy conveniente añadir una leyenda con la simbología y textos adecuados; esto se hace por medio de la función `legend()`.

```
aa <- "área" # Texto para leyenda
pp <- "perímetro" # Texto para leyenca
xl <- "área, perímetro" # Etiqueta eje X
radio <- seq(0,5,by=0.5) # Vector de radios
area <- pi*radio^2 # Vector de áreas
perimetro <- 2*pi*radio # Vector de perímetros
plot(area, radio, type="o", xlab=xl, pch=21, col="red3",
     bg="gold")
# En seguida "encimaremos" sobre el gráfico anterior (áreas),
# el de perímetros
lines(perimetro, radio, type="o", pch=23, col="navyblue",
      bg="violetred")
legend("bottomright",                    # ubicación leyenda
       legend = c(aa,     pp         ),  # textos de leyenda
       lty =    c(1,      1          ),  # tipo de línea
       pch =    c(21,     23         ),  # símbolos
       col =    c("red3", "navyblue" ),  # color líneas
       pt.bg =  c("gold", "violetred") ) # relleno de símbolo
```

El resultado del código previo se muestra en la Fig. 6.7. Como los elementos de la leyenda son dos, esto es, las curvas correspondientes a las áreas y a los perímetros, todos los parámetros de la función, salvo su ubicación, deberán ser dobles y por eso se proveen mediante vectores con la función `c()`. Nótese además que, en la leyenda, para indicar el color de relleno del símbolo no se ha usado el parámetro `bg`, sino `pt.bg`, ya que, para el caso de leyendas el parámetro `bg` está reservado para indicar el color de fondo del recuadro de leyendas. Por otra parte, en la leyenda también, se ha tenido que indicar el tipo de línea, que por omisión en la función `plot()` es 1; esto es así, porque, de no hacerlo, la función `legend()` solamente mostraría el símbolo sin la línea.

6.3. Colores

En todos los ejemplos anteriores, se han manejado los colores mediante nombres, tales como: "*red*", "*blue*", "*navyblue*", "*violetred*", etc. El lenguaje, sin embargo, provee de diversos mecanismos para especificar los colores, el más simple de los cuales, es mediante un número entero. La Fig. 6.8, muestra los colores numerados del 1 al 16. Puede notarse que esta forma sencilla de especificar los colores es bastante limitada, ya que en realidad sólo se dispone de ocho colores diferentes; esto es, del 1 al 8, en orden: negro, rojo, verde, azul, cian, magenta, amarillo y gris. A partir del color 9, la secuencia se repite.

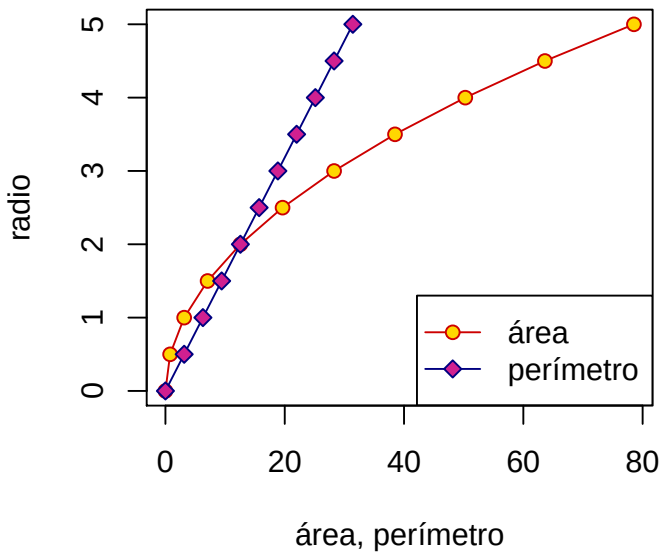


Figura 6.7: Áreas y perímetros de círculos contra su radio

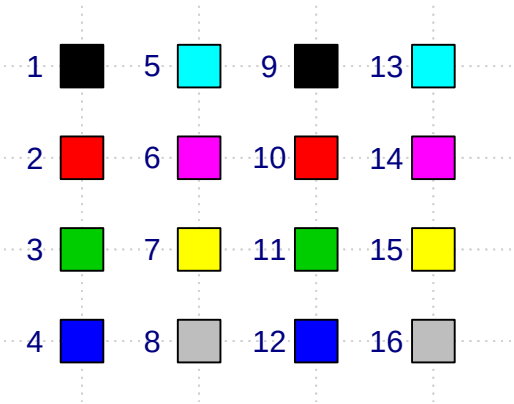


Figura 6.8: Colores por número entero

El esquema más general para la especificación de un color es por medio de la especificación de sus *contenidos* de los colores primarios: rojo, verde y azul, RGB, por sus nombres en inglés. En este caso, hay por lo menos dos maneras de especificar el color, a saber: por medio de su código hexadecimal y por medio de la especificación de sus contenidos *porcentuales* de color usando la función `rgb()`. El código hexadecimal, asigna un byte para la especificación del contenido de cada color y, por consiguiente, el contenido es expresado como un entero entre 0 y $(2^8 - 1)$, o sea, entre 0 y 255, expresado como hexadecimal; con 0 indicando la ausencia completa del color y con 255 indicando la presencia completa o el 100 % del color en cuestión. De este modo, supóngase que se quiere expresar un color con 176 de rojo, 48 de verde y 96 de azul, los códigos hexadecimales correspondientes a esos números son: B0, 30 y 60, respectivamente. Así, el código hexadecimal del color que se quiere representar es "B03060". Ya que este código de color se le proporcionará al lenguaje como una cadena de caracteres y para que no haya confusión con la especificación de colores por nombre, se antepone el símbolo '#', a la cadena; esto es, para el caso del ejemplo el código de color sería la cadena: ''#B03060''. La función rgb(), provee de una manera sencilla para obtener esa cadena de caracteres representativa del color, dando, como números, los valores individuales para cada color. Por ejemplo, para obtener el código del ejemplo, se puede hacer así:

```
rgb(176, 48, 96, maxColorValue=255)

## [1] "#B03060"

# O como números entre 0 y 1 (porcentajes):
rgb(176/255, 48/255, 96/255)

## [1] "#B03060"

# La función rgb() puede producir los códigos
# de color de varios colores simultáneamente:
colores <- rgb(red=  c(176,255,238,205),
               green=c( 48, 52, 48, 41),
               blue= c( 96,179,167,144),
               max=255) # se puede abreviar "maxColorValue"
colores

## [1] "#B03060" "#FF34B3" "#EE30A7" "#CD2990"
```

En seguida se utilizará ese arreglo de colores para la producción de una gráfica muy sencilla en la que se pueda visualizar el efecto visual de cada color. El resultado del código se puede observar en la Fig. 6.9.

```
plot(1:4, pch=22, cex=10, bg=colores,
     xlim=c(-0.5,4.5), ylim=c(-0.5,4.5))
```

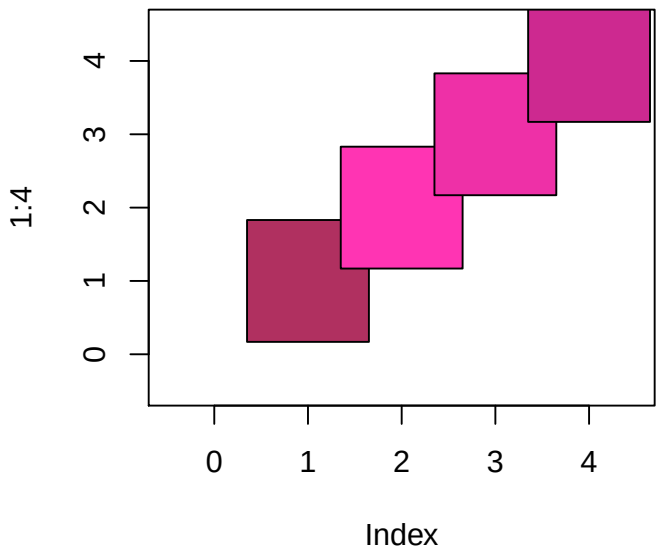


Figura 6.9: Gráfico de colores especificados por código hexadecimal

Los colores también se pueden especificar por sus nombres en inglés. El lenguaje tiene registrados 657 nombres alfanuméricos de colores que se pueden revisar mediante la función `colors()` del lenguaje. Como un ejemplo se muestran en seguida los primeros veinte nombres contenidos en vector que regresa dicha función, y el segmento de colores entre los índices 455 al 458. Además el lenguaje cuenta con funciones que permiten obtener los contenidos de color RGB de cada uno de los colores nombrados.

```
# Los primeros veinte nombres de colores:
head(colors(),20)

##  [1] "white"          "aliceblue"      "antiquewhite"
##  [4] "antiquewhite1" "antiquewhite2" "antiquewhite3"
##  [7] "antiquewhite4" "aquamarine"     "aquamarine1"
## [10] "aquamarine2"   "aquamarine3"    "aquamarine4"
## [13] "azure"          "azure1"         "azure2"
## [16] "azure3"         "azure4"         "beige"
## [19] "bisque"         "bisque1"

# Los elementos 455 al 458
coloresPorNombre <- colors()[455:458]
coloresPorNombre

## [1] "maroon"  "maroon1" "maroon2" "maroon3"

# Para encontrar los contenidos de RGB:
(dd <- col2rgb(coloresPorNombre))

##       [,1] [,2] [,3] [,4]
## red    176  255  238  205
## green   48   52   48   41
## blue    96  179  167  144

# Y para encontrar los hexadecimales correspondientes:
codigos <- rgb(red=  dd["red",],
               green=dd["green",],
               blue= dd["blue",],
               max=255) # se puede abreviar "maxColorValue"
codigos

## [1] "#B03060" "#FF34B3" "#EE30A7" "#CD2990"

# Pero, dado que 'dd' es una matriz,
# podemos obtener el mismo resultado con su
# traspuesta así:
(codigos <- rgb(t(dd), max=255))

## [1] "#B03060" "#FF34B3" "#EE30A7" "#CD2990"
```

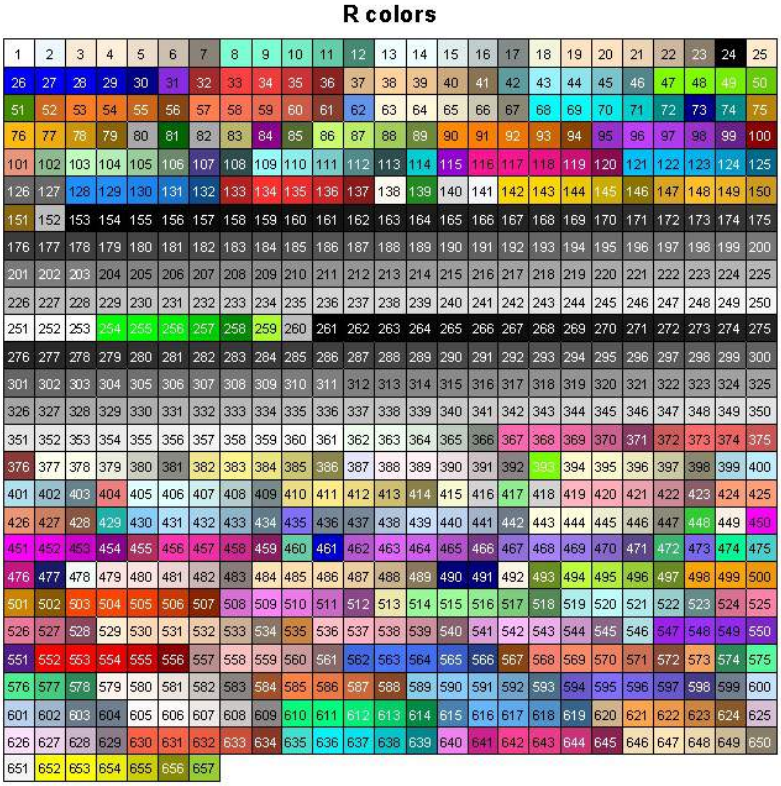


Figura 6.10: Apariencia de los colores regresados por la función `colors()` y su índice

Nótese que, intencionalmente, los códigos de color obtenidos son exactamente los mismos que en el ejemplo anterior. Así, para obtener la misma gráfica que se muestra en la Fig. 6.9, por medio de los nombres de colores bastará con ejecutar el siguiente código:

```
# Se proporciona el vector de nombres de
# colores en vez del vector de códigos
plot(1:4, pch=22, cex=10, bg=coloresPorNombre,
     xlim=c(-0.5,4.5), ylim=c(-0.5,4.5))
```

Como posiblemente los nombres de los colores no dan una idea exacta de la apariencia del color, en la Fig. 6.10, se muestra una tabla con los colores nombrados por la función `colors()` y su respectivo índice[1].

Al principio de esta sección, en la página 132, se dijo que la especificación

[1]Esta tabla ha sido tomada de http://research.stowers-institute.org/efg/R/Color/Chart/, que contiene además otras ayudas para la especificación de colores

de colores por número era limitada. Esto se debe a que, por omisión, el lenguaje cuenta con una paleta de sólo ocho colores. La función `palette()`, permite consultar la paleta actual o establecer una nueva. La especificación de los colores en una paleta se hace por medio de los códigos hexadecimales o de los nombre de los colores que se pretende usar. En seguida se hace la consulta de la paleta actual y se cambia por una diferente.

```
# la paleta actual
palette()

## [1] "black"   "red"     "green3"  "blue"    "cyan"
## [6] "magenta" "yellow"  "gray"

# para cambiarla, por ejemplo, con los primeros
# veinticinco colores de colors()
palette(colors()[1:25])
```

En la Fig. 6.11 se muestran los colores resultantes con la nueva paleta de colores. A partir de aquí, los números del 1 al 25 se podrían utilizar para especificar los colores que se muestran en la figura. El tamaño máximo de una paleta definida con esta función es de 1024 colores.

Además de lo antedicho, en el lenguaje se han desarrollado diversas paletas de colores con fines específicos, y que son provistas o construidas por funciones tales como: `heat.colors()`, `terrain.colors()`, `topo.colors()`, `cm.colors()`, `rainbow()`. Salvo la función `rainbow()`, todas las otras funciones tienen sólo dos argumentos, `n` y `alpha`, que son, respectivamente, el tamaño de la paleta y la fracción de transparencia, que es un número entre 0 y 1, que indica el grado de opacidad de los colores en cuestión. El resultado de las funciones, que es un vector de caracteres con los códigos hexadecimales de los colores.

Para ilustrar lo anterior, se dibujará primeramente un conjunto de líneas rectas con la función `abline()`, que permite, entre otras cosas dibujar líneas a partir de su intercepto y pendiente, y posteriormente, sobre este gráfico se dibujarán figuras de diversos colores tomados de alguna de las paletas anteriores, mediante la función `points()`, que sirve para agregar puntos en la forma de símbolos a un gráfico previo y cuyos argumentos son similares a los de `plot()`.

```
# Se establece el espacio de dibujo:
plot(0, type="n", xlim=c(0,10), ylim=c(0,10))
# Se dibujan las líneas rectas; para ello,
# se hace uso de mapply que aplica de manera
# multiple una función:
void <- mapply(abline,
               c(2,1,0,-1,-2), # interceptos por línea
               rep(1,5))       # pendiente = 1
```

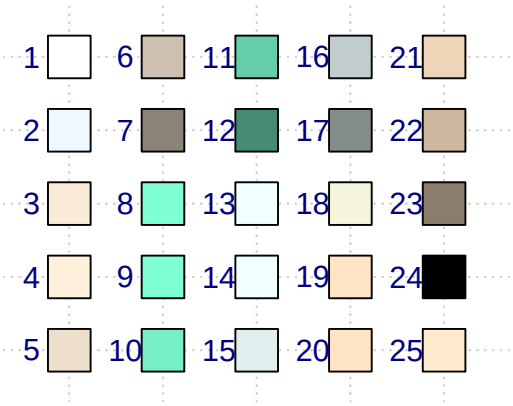


Figura 6.11: Nueva paleta para especificar colores por números enteros

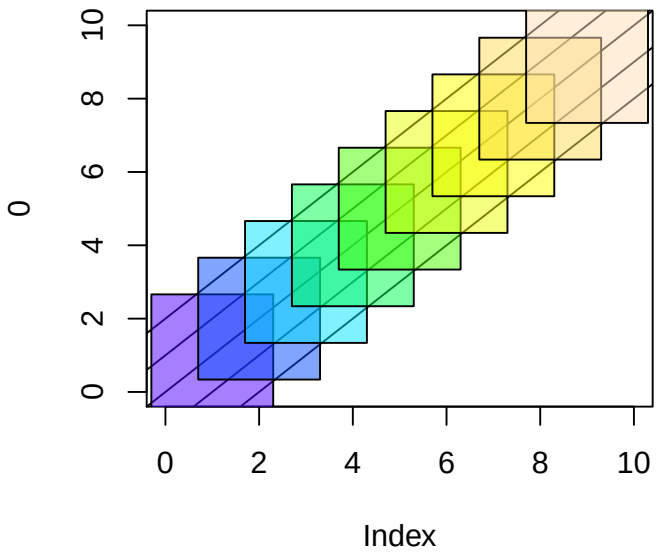


Figura 6.12: Uso de las paletas de colores y los colores *transparentes*

```
# dibujamos las figuras (transparentes)
points(1:9, pch=22, cex=10, bg=topo.colors(9,alpha=0.5))
```

Los resultados del código anterior se muestran en la Fig. 6.12. Un resultado similar se hubiera obtenido sustituyendo el llamado a la función `points()`, con el siguiente código que establece la paleta de colores antes del llamado a `points()`.

```
# Establecemos la paleta de colores
palette(topo.colors(9,alpha=0.5))
points(1:9, pch=22, cex=10, col="black", bg=1:9)
# Regresamos la paleta de colores a su
# estado inicial:
palette("default")
```

Nótese que aquí, en el llamado a `points()`, se ha tenido que dar el parámetro `col=''black''`. Esto es debido a que el valor por omisión para este parámetro es 1, y entonces el color sería tomado de la paleta actual, que no es negro como se desea para el contorno de los símbolos.

6.4. Gráficos para una variable

Para introducir este tipo de gráficos se propone un ejemplo: la lista de asistentes a un cierto congreso, con el tipo de transporte por el cuál arribaron al mismo. La información correspondiente se registrará en un *data frame*, que por omisión convierte las cadenas de caracteres a factores.

```
participantes <-c(
    "Fulano", "Sutano", "Mengano", "Perengano", "Metano",
    "Etano", "Propano", "Butano", "Pentano", "Hexano",
    "Heptano", "Octano", "Ciclopentano",
    "Enano", "Decano", "Hermano")
transporte <- c(
    "aereo", "terrestre", "tren", "maritimo", "tren",
    "tren", "terrestre", "terrestre", "aereo", "terrestre",
    "maritimo", "terrestre", "aereo",
    "terrestre", "terrestre", "aereo")
( info <- data.frame(participantes, transporte) )

##    participantes transporte
## 1         Fulano      aereo
## 2         Sutano  terrestre
## 3        Mengano       tren
## 4      Perengano   maritimo
## 5         Metano       tren
## 6          Etano       tren
## 7        Propano  terrestre
## 8         Butano  terrestre
## 9        Pentano      aereo
## 10        Hexano  terrestre
## 11       Heptano   maritimo
## 12        Octano  terrestre
## 13  Ciclopentano      aereo
## 14         Enano  terrestre
## 15        Decano  terrestre
## 16       Hermano      aereo

# Veamos cual es la clase de info$transporte
class(info$transporte)

## [1] "factor"
```

Si ahora, se quiere ver el tipo de gráfico que produce por omisión la función `plot()`, para este tipo de dato, se hace con:

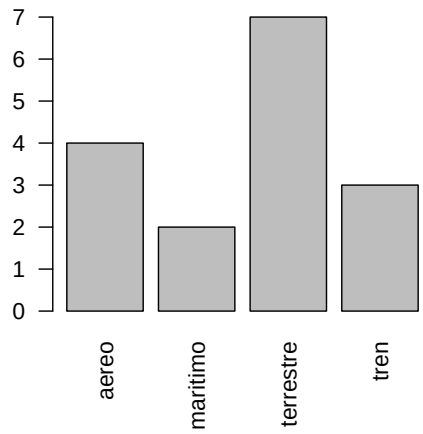


Figura 6.13: Un diagrama de barras para los tipos de transporte

```
plot(info$transporte,
     las=2) # hace los textos perpendiculares al eje
```

El resultado de este código se puede ver en la Fig. 6.13. En el eje de las abscisas se han anotado las categorías, o *levels*, del factor, y se ha dibujado una barra con una altura correspondiente al número de elementos encontrados en el factor, para esa categoría. Este tipo de gráfico es lo que se conoce como un *gráfico de barras*. En el caso de los factores, al producir esta gráfica, el lenguaje nos ha ahorrado una serie de pasos intermedios. En la sección 2.4.1 en la página 36, se usó la función `table()` para calcular la frecuencia de aparición de los elementos de un factor. Así, para el presente caso, con esa función se hubiera obtenido:

```
tt <- table(info$transporte)
tt

##
##     aereo  maritimo terrestre      tren
##         4         2         7         3
```

De este modo, para producir con esta información una gráfica semejante a la de la Fig. 6.13, se podría haber ejecutado el siguiente código más explícito:

```
barplot(table(info$transporte), # Nótese que se usa barplot en vez
                                # de plot
     las=2) # hace los textos perpendiculares al eje
```

Otra forma de ver la misma información, es por medio de lo que se conoce como *gráfico de pastel*. Para introducir este tipo de gráfico, se transformará la tabla `tt` a otra tabla que muestre las frecuencias relativas de cada uno de los elementos del factor, así:

```
rr <- tt/sum(tt) # Frecuencias relativas
rr

##
##     aereo  maritimo terrestre      tren
##    0.2500    0.1250    0.4375    0.1875
```

Ahora, se producirá un gráfico de barras con las frecuencias relativas y se producirá un gráfico de pastel, por medio de la función `pie()`. Para darle una apariencia *más agradable*, se emplean 4 colores de la paleta de colores `rainbow()`.

```
barplot(rr, col=rainbow(4), las=2) # Aquí se usa 'rr'
pie(tt, col=rainbow(4))            # Aquí se usa 'tt'
```

Al ejecutarse el código anterior, produce los gráficos que se muestran en la Fig. 6.14.

Una de las características interesantes de los gráficos de barras es que cuando se tienen diversas series de datos sobre un mismo asunto, se pueden utilizar para hacer comparaciones. Supóngase, para el mismo ejemplo del congreso, que los datos anteriores corresponden al evento para el año 2012, pero que para el año 2014, las proporciones de tipo de transporte fueron las siguientes:

```
congreso2014 <- c(aereo=0.12, maritimo=0.1875,
                  terrestre=0.4925, tren=0.2)
congreso2014

##     aereo  maritimo terrestre      tren
##    0.1200    0.1875    0.4925    0.2000
```

Con estos nuevos datos, se puede construir una matriz que contenga todos los datos:

```
rr1 <- rbind(rr, congreso2014)
rownames(rr1) <- c("2012","2014") # se dan nombres a renglones
rr1
```

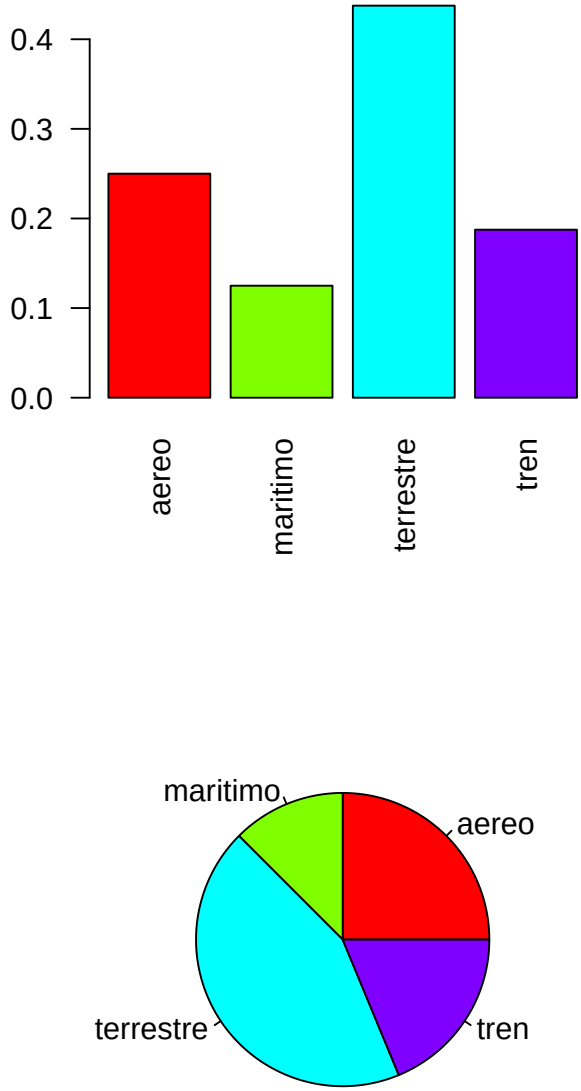


Figura 6.14: Un gráfico de barras y uno de pastel con la misma información

```
##      aereo maritimo terrestre   tren
## 2012  0.25   0.1250    0.4375 0.1875
## 2014  0.12   0.1875    0.4925 0.2000
```

A partir de aquí, se pueden obtener gráficos de barras apareadas o agrupadas, para dos casos: si se toma como categoría principal el tipo de transporte que se usó o, si se toma como categoría principal los años de los congresos. En el primer caso, se usa directamente la matriz que se ha obtenido (`rr1`), mientras que en el segundo caso, se usa traspuesta de la matriz `rr1`, usando cuatro colores, dado que el agrupamiento es de cuatro barras, una para cada tipo de transporte. En ambos casos, en la función `barplot()`, se especifica el argumento `beside=TRUE`, para producir grupos de barras en vez de *stacks* de barras.

```
# El resultado mas adecuado se obtiene
# con la matriz
barplot(rr1, beside=T, col=c(1,2), las=2)
legend("topleft", legend=rownames(rr1), col=c(1,2), pch=15)
# Pero tambien se puede tener el caso de
# la traspuesta de la matriz original
barplot(t(rr1), beside=T, col=1:4)
legend(x=4.1, y=0.48, legend=colnames(rr1), col=1:4, pch=15)
```

El resultado de los dos gráficos producidos con el código anterior se puede apreciar en la Fig. 6.15. Nótese que la leyenda se ha tenido que ubicar, en ambos casos, en el sitio que el gráfico lo ha permitido, y su especificación se ha hecho de dos maneras: por medio de un texto descriptivo y por medio de coordenadas dentro del espacio de dibujo.

La misma información de los gráficos anteriores se podría tener con otra apariencia mediante barras apiladas o en *stack*. En este caso sólo se debe tener cuidado en el último gráfico de agregar espacio para colocar la leyenda. Por omisión, en estos casos, cada grupo de barras ocupa un espacio de 1.2 unidades, contando el espacio entre grupos, que es de 0.2, y tomando en cuenta que el desplegado del primer grupo empieza justamente a partir de ese espacio, es decir 0.2. Así el código para producir los gráficos en cuestión es el que sigue, y su resultado se muestra en la Fig. 6.16.

```
# Barras apiladas: matriz normal
barplot(rr1, beside=F, col=c(1,2), las=2)
legend("topleft", legend=rownames(rr1), col=c(1,2), pch=15)
# El caso de la traspuesta de la matriz
# Nótese aquí el argumento xlim para dejar
# espacio para la leyenda
barplot(t(rr1), beside=F, col=1:4, xlim=c(0.2, 3*1.2+0.2))
legend(x=2.5, y=0.6, legend=colnames(rr1), col=1:4, pch=15)
```

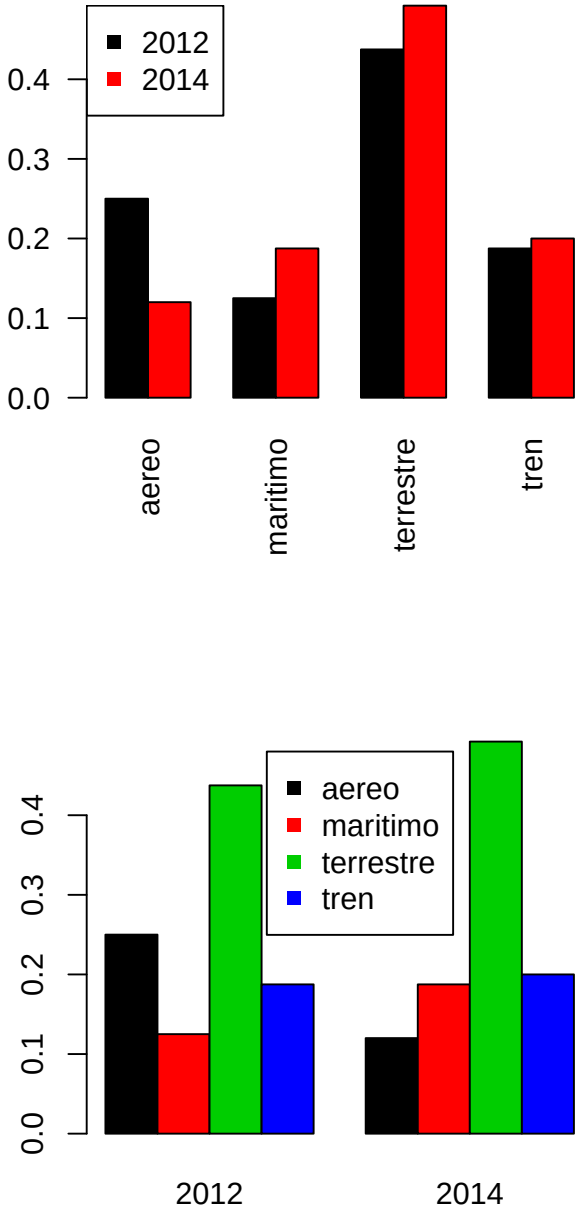


Figura 6.15: Gráficos de barras apareadas o agrupadas

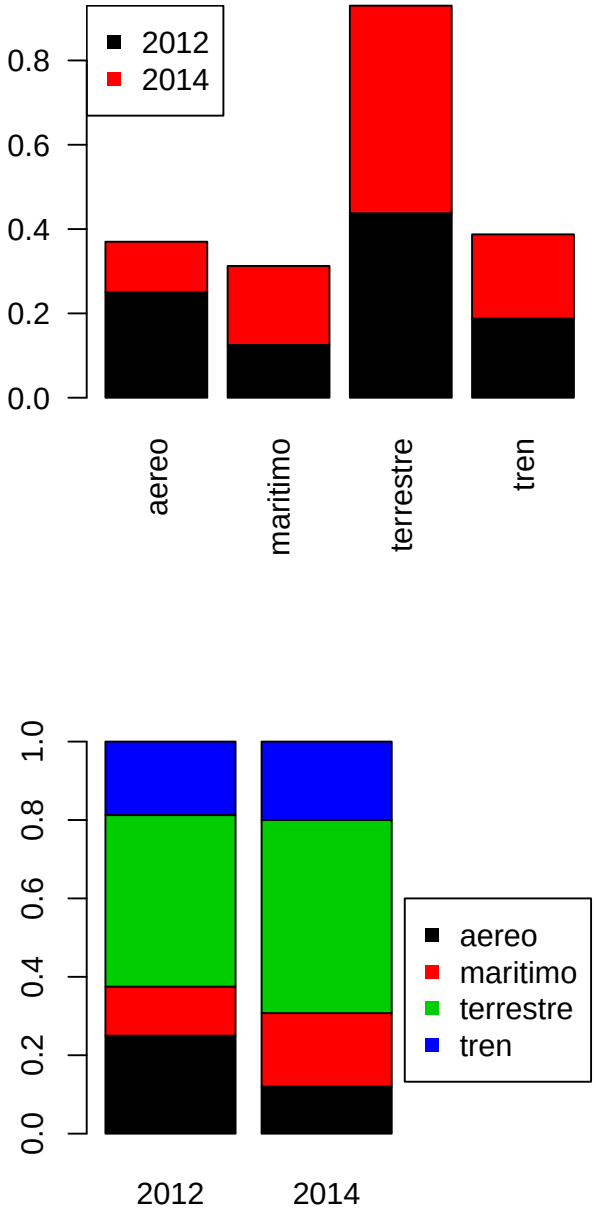


Figura 6.16: Gráficos de barras apiladas

Nótese que, a pesar de tratarse de la misma información, la comunicación visual hace énfasis en distintos aspectos de ella. Por ejemplo, en la primera gráfica de la Fig. 6.16, el énfasis está en los tipos de transporte que se usaron en ambos eventos de manera global, mientras que en la segunda, está en las proporciones de transporte usado con referencia al total, en cada uno de los dos años del evento. Con la mira en este impacto visual de los tipos y el aspecto de los gráficos, en seguida se presenta un ejemplo acerca del desempleo en México. Los datos se refieren a la proporción que guardan los desempleados con educación media superior y superior, con respecto al total de desempleados en el país, y son como sigue para cada trimestre, a partir del año 2011[2].

```
# Porcentajes consecutivos por trimestre
prcnt <-c(
  34.6594306764, 35.2754003647, 35.40613204, 35.1855137062,
  36.6282823891, 37.3816513577, 37.5314871844, 36.3784124999,
  37.8949982178, 37.9752539821, 37.5238097329, 38.8349502588,
  39.5894958061, 40.4058337918
)
# Años de los trimestres
anio <- c(rep(2011,4), rep(2012,4), rep(2013,4), rep(2014,2))
# Los trimestres
trim <- c(rep(c("I","II","III","IV"),3), c("I","II"))
# Se construye un data frame comprensivo con
# la información anterior:
desempl.educ.sup <- data.frame(anio,trim,prcnt)
# Se hacen los nombres de los renglones
rownames(desempl.educ.sup) <- paste0(anio,".", trim)

# Se restara una cota inferior para
# producir una vista con la infomación de interés
tinf <- trunc(desempl.educ.sup$prcnt[1]) # entero inferior
# la resta se agregará como una columna del data frame
desempl.educ.sup$d1 <- desempl.educ.sup$prcnt-tinf
desempl.educ.sup

##          anio trim prcnt     d1
## 2011.I   2011    I 34.66 0.6594
## 2011.II  2011   II 35.28 1.2754
## 2011.III 2011  III 35.41 1.4061
## 2011.IV  2011   IV 35.19 1.1855
## 2012.I   2012    I 36.63 2.6283
## 2012.II  2012   II 37.38 3.3817
## 2012.III 2012  III 37.53 3.5315
## 2012.IV  2012   IV 36.38 2.3784
```

[2]Fuente: Sitio del INEGI en Internet: www.inegi.org.mx

```
## 2013.I   2013    I 37.89 3.8950
## 2013.II  2013   II 37.98 3.9753
## 2013.III 2013  III 37.52 3.5238
## 2013.IV  2013   IV 38.83 4.8350
## 2014.I   2014    I 39.59 5.5895
## 2014.II  2014   II 40.41 6.4058
```

Con esta información, en seguida se hacen dos gráficos de barras horizontales con el código que se presenta a continuación y que se muestran en la Fig. 6.17.

```
barplot(desempl.educ.sup$prcnt,
        main="Desempleo- Educ. Media Sup \no Superior en Mexico",
        xlab="% del total de desempleados",
        names.arg=rownames(desempl.educ.sup),
        col=cm.colors(14), horiz=T, las=1)
barplot(desempl.educ.sup$d1,
        main="Incremento en Desempleo\nEduc.Media Sup o Superior",
        xlab="% del total de desempleados",
        xaxt="n", # impedimos pintar eje X; se pintara después
        names.arg=rownames(desempl.educ.sup),
        col=heat.colors(14)[14:1], # Se invierte secuencia
                                   # de los colores
        horiz=T, las=1)
# Se cambia la escala del eje de las X
# para reflejar los valores reales
axis(1, at=0:6, lab=tinf:(tinf+6))
```

Los dos gráficos presentados en la Fig. 6.17 presentan esencialmente la misma información. El segundo gráfico, sin embargo, mediante el uso del color y la *ventana* de los datos que se presenta, que se calculó a partir de la diferencia de los datos crudos con una cota inferior, la muestra de una manera más dramática. En este último caso, hubo necesidad de ajustar la escala del eje X, por medio de la función `axis()`. En ella se indica el eje sobre el que se escribe, esto es el eje 1, en dónde se escribe, el parámetro `at`, y lo que se escribe, el parámetro `lab`.

6.5. Gráficas de curvas continuas

Al principio de este capítulo, en la Fig. 6.1, se presentó el ejemplo de un histograma sobre el que se dibujó además una curva continua correspondiente a su ajuste a una función de densidad de probabilidades Gamma. En el caso presentado, el lenguaje *entiende* que el primero de los argumentos que se le ha pasado es una función y procede a producir su gráfica dentro de los límites de los ejes que se han establecido, que, en el caso de la figura, están dados por el

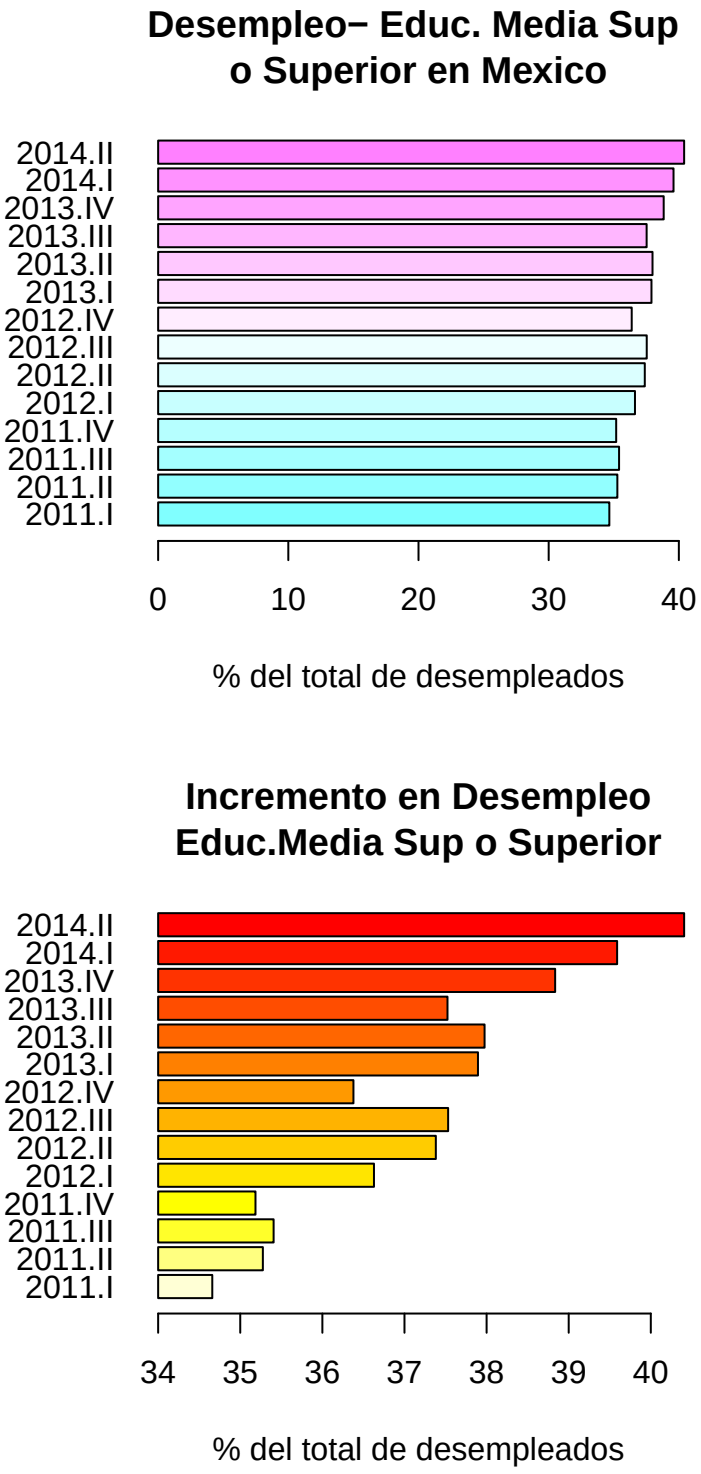


Figura 6.17: Ejemplos de gráficos de barras horizontales

anterior llamado a la función `hist()`, ya que la curva se agrega al histograma. De hecho, si el primer argumento, o argumento `x`, de la función `plot()`, es una función de esta naturaleza, su comportamiento será el mismo que el de la función `curve()`.

Para ejemplificar la producción de este tipo de gráficas, se programará una función productora de funciones de tipo sinusoidales, a partir de la conocida función trigonométrica seno: la función `sin()`, en R. Esta función producirá variaciones de la función seno, modificando solamente su amplitud y su fase inicial, como se muestra a continuación.

```
# Función productora de funciones
# sinusoidales
fsin <- function(i,j) {
    # i: afecta la fase inicial
    # j: afecta la amplitud
    function (x) 1/(1+j)*sin(x + i*pi/4)
}
# por ejemplo,
ff1 <- fsin(0,0)
# es lo mismo que la función sin()
# veamos:
sin(pi/6) # pi/6 = 30 grados

## [1] 0.5

ff1(pi/6)

## [1] 0.5

# El mismo resultado se pudo obtener directamente con
fsin(0,0)(pi/6)

## [1] 0.5

# También,
ff2 <- fsin(2,0) # igual al coseno
cos(pi/6)

## [1] 0.866

ff2(pi/6)

## [1] 0.866
```

Ahora se procederá a graficar cuatro de estas funciones mediante la función `curve()`, con el código que se muestra a continuación.

```
n <- 4
for (i in 0:n) {
    curve(fsin(i,i)(x), xlim=c(0,2*pi),
        col=rainbow(n+1)[i+1], add=(i!=0), # Note el valor de add
        lwd=2) # el grosor de las líneas
}
```

El resultado del código anterior se muestra en la Fig. 6.18. Debe notarse que el valor del argumento `add=(i!=0)`, es una expresión lógica. Esto es para indicarle al lenguaje que la primera vez que se ejecuta la función, es para producir la gráfica y no para añadirla a una existente, como ocurre en todos los otros casos. Otra nota importante es la manera cómo se ha especificado la función en el llamado a `curve()`; esto es, se ha llamado a `fsin(i,i)(x)`, y no simplemente a `fsin(i,i)`, como la intuición nos hubiera indicado. Esto se debe a manejos internos del intérprete para facilitar la solución semántica de la expresión. Cabe decir, sin embargo, que el código que se muestra a continuación produce exactamente el mismo resultado.

```
n <- 4
for (i in 0:n) {
    # producimos la función antes de pasarla a curve
    ff <- fsin(i,i)
    curve(ff, xlim=c(0,2*pi), col=rainbow(n+1)[i+1],
          add=(i!=0), lwd=2)
}
```

6.6. Ejemplo de gráficas escalonadas: distribución de Poisson

En contraste con las funciones continuas de la sección anterior, están las funciones discontinuas. Un ejemplo de estas funciones son las que se producen como resultado de alguna variable aleatoria discreta; esto es, una variable aleatoria cuyos valores los toma de un conjunto finito o de un conjunto numerable. Por ejemplo, el número que sale cada vez que se tira un dado de seis caras; el número de automóviles que pasan por minuto en un determinado crucero; el número de días seguidos que se presentó lluvia en una cierta estación meteorológica; el número de pacientes en una muestra, que respondieron positivamente a un tratamiento médico, etc. Para caracterizar este tipo de variables, se han desarrollado diversas funciones de distribución y densidad de probabilidades, que se usan de acuerdo con las características de cada problema en particular, tales como, la distribución uniforme, la distribución binomial, la distribución geométrica, la hipergeométrica, la multinomial, la distribución

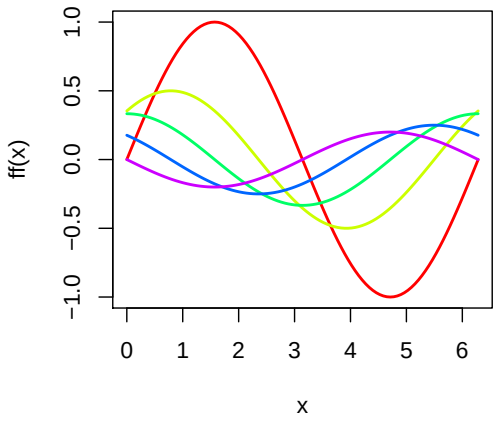


Figura 6.18: Gráfico de curvas continuas

de Poisson, etc. [3]

6.6.1. Distribuciones uniformes de variables discretas

En la sección 5.5.2, se planteó el tema de las funciones de densidad y distribución de probabilidades continuas. Aquí se abordará el tema de las funciones de densidad y distribución de probabilidades de variables aleatorias discretas. Un caso muy simple dentro de esta categoría, es el que surge de tirar un dado de seis caras. La probabilidad de que salga cualquiera de los seis números anotados en sus caras, es igual para todos y es exactamente $1/6$ para cada número; por ejemplo, $f(3) = Pr(y = 3) = 1/6$, y así para todos los otros números[4]. Asimismo, la *probabilidad acumulada* está definida por la suma de probabilidades; así, por ejemplo, $F(3) = Pr(y \leq 3) = f(1) + f(2) + f(3) = 3/6 = 1/2$. De igual modo que para las variables aleatorias continuas, hay dos funciones que las caracterizan, a saber, la función de *densidad* de probabilidades, $f(y)$, y la función de distribución de probabilidades, $F(y)$, que, como se puede apreciar del ejemplo, está definida por la fórmula siguiente:

[3] Todas estas funciones de distribución y densidad de probablidades se pueden consultar en Walpole et al. [2012].

[4] En la fórmula del texto, la expresión $Pr(y = 3)$, se lee como: *la probabilidad de que la variable aleatoria, y, adquiera un valor de 3*. Expresiones similares son: $Pr(y \leq 3)$ y $Pr(3 \leq y \leq 5)$, que corresponden respectivamente a: *la probabilidad de que y sea menor que 3*, y *la probabilidad de que y esté entre 3 y 5*.

$$F(y_n) = \sum_{i=1}^{n} f(y_i) \tag{6.1}$$

En R, entonces, las dos funciones se pueden definir por medio del código que se presenta a continuación.

```
# Función de densidad de probabilidades
ff <- rep(1/6, 6)
ff

## [1] 0.1667 0.1667 0.1667 0.1667 0.1667 0.1667

# En particular,
ff[3]

## [1] 0.1667

# Función de distribución de probabilidades
FF <- Reduce("+", ff, accumulate=T)
FF

## [1] 0.1667 0.3333 0.5000 0.6667 0.8333 1.0000

# En particular,
FF[3]

## [1] 0.5
```

Nótese que, en este caso, en vez de utilizar la sintaxis para definición y uso de funciones, se utiliza directamente la sintaxis de vectores, debido a que se está tratando con variables discretas con valores de un conjunto finito. Además, para definir la distribución de probabilidades, se ha empleado la función `Reduce()`, con primer argumento ‘‘+’’, que toma el vector `ff` y va aplicando consecutivamente la función dada como primer argumento, la suma, en este caso, entre el resultado anterior de la aplicación y cada elemento del vector. Además, como se ha visto en la descripción de esta función en la sección 4.3.1 en la página 72, el argumento `accumulate=T`, obliga a entregar cada uno de los resultados intermedios en el resultado final; de otro modo, el resultado sería sólo la suma final y el llamado equivaldría al usar la función `sum(ff)`. Los gráficos correspondientes a estas funciones se pueden hacer con el código que se presenta a continuación.

```
# Para la función de densidad de probabilidades,
# se utiliza el tipo de de gráfico de agujas
plot(ff, type="h", col="red", lwd=2, xlab="y", ylab="f(y)")
```

```
# Por claridad se agregan puntos al gráfico:
points(ff)
# Para la función de distribución se utiliza el
# tipo de gráfico de escalera
plot(FF, type="s", col="red", lwd=2, xlab="y", ylab="F(y)")
points(FF, pch=16)
```

En la Fig. 6.19 se ha utilizado un tipo de gráfico de agujas para la densidad de probabilidades, ya que permite visualizar de una mejor manera la naturaleza tipo *pulso* de la función.

6.6.2. Funciones de densidad y distribución de probabilidades de Poisson

Desde luego que no todas las variables aleatorias discretas tienen funciones de densidad y distribución de probabilidades tan sencillas. Considérese por ejemplo el siguiente problema: en un centro comercial se tienen tres líneas de cajas, a saber, las cajas rápidas, las cajas normales, y las cajas para personas con algún tipo de discapacidad. Se ha medido que, en promedio, a las horas pico, la afluencia de clientes en las cajas rápidas es de 13 clientes por minuto; en las normales, de 10; y en las destinadas a minusválidos, de 6. ¿Cuál sería la probabilidad de que, a esa hora pico, para cualquiera de estas líneas de cajas arriben 14 o más clientes por minuto?

La respuesta a este tipo de problemas se puede modelar mediante un tipo de funciones de densidad y distribución de probabilidades conocida como distribución de Poisson. Aquí el parámetro importante es lo que se conoce como la *razón* media, que está dada en términos de algún número de unidades enteras dividido entre algún segmento de un espacio continuo, como podría ser el tiempo, la longitud, el área, etc. En el caso del ejemplo, son 13, 10, 6 o 14 clientes cada minuto. Otros ejemplos son, el número de defectos o fallas por unidad de longitud en algún riel metálico, el número de llamadas telefónicas por hora, el número de automóviles que arriban a un semáforo cada minuto, etc.

Si se regresa al problema mencionado del número de clientes que arriban por minuto a una caja, se dice, por ejemplo, que en promedio arriban 10 clientes por minuto. Cuando se habla de *promedio*, en general se tiende a pensar que, como realmente ocurre en el mundo real, en ocasiones arribarán menos y en ocasiones arribarán más clientes que el señalado promedio. Esta intuición es precisamente lo que modela la función de densidad de probabilidades de Poisson, que se describe por la siguiente fórmula:

$$f(k;\lambda) = Pr(X = k) = \frac{\lambda^k}{k!}e^{-\lambda} \tag{6.2}$$

Aquí, e es el número de Euler: la base de los logaritmos naturales, λ es la razón promedio. De modo que, si lo que se quiere es la función correspondiente a una razón promedio de 10 clientes por minuto, estaría dada por:

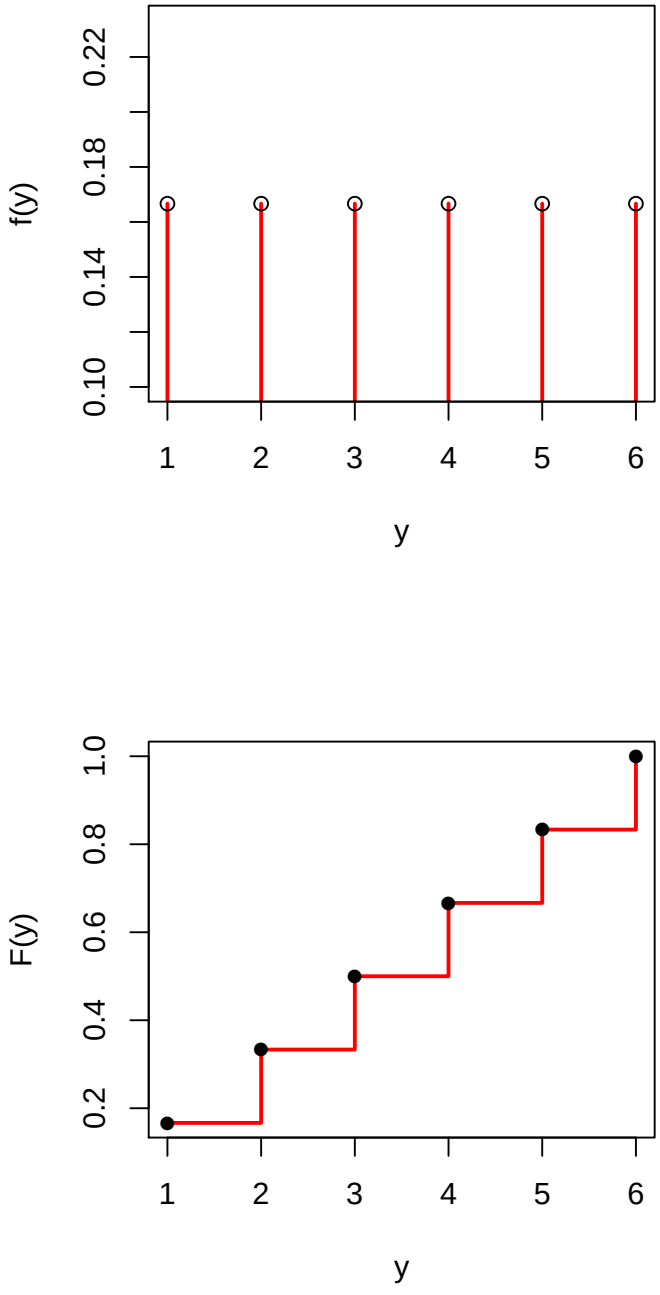


Figura 6.19: La *densidad* y distribución de probabilidades para un dado de seis caras

$$f(k;10) = \frac{10^k}{k!}e^{-10} \tag{6.3}$$

Si en esa situación se quisiera averiguar la probabilidad de que acudieran 12 clientes por minuto, simplemente se calcularía con:

$$f(12;10) = \frac{10^{12}}{12!}e^{-10} = 0.0948 \tag{6.4}$$

Entonces, la probabilidad de que, para esa caja particular, acudan 12 clientes por minuto es del 9.48 %. Afortunadamente, R cuenta con la función `dpois()`, que implementa la función de densidad de probabilidades de Poisson, y entonces, en R el cálculo anterior se hace con el siguiente código.

```
dpois(12,lambda=10)

## [1] 0.09478
```

Supóngase ahora que se quiere tener un registro de las probabilidades correspondientes a las razones entre 0 y 20 clientes por minuto, con la misma razón media de 10 clientes por minuto. Esto es fácil de obtener con el siguiente código.

```
x <- 0:20
ds10 <- dpois(x, 10)
ds10

##  [1] 0.0000454 0.0004540 0.0022700 0.0075667 0.0189166
##  [6] 0.0378333 0.0630555 0.0900792 0.1125990 0.1251100
## [11] 0.1251100 0.1137364 0.0947803 0.0729079 0.0520771
## [16] 0.0347181 0.0216988 0.0127640 0.0070911 0.0037322
## [21] 0.0018661
```

Al igual que, para el caso de la distribución uniforme, presentada en la sección 6.6.1 en la página 154 y lo cual se ha mostrado también gráficamente en la Fig. 6.19, a la función de densidad de probabilidades de Poisson, le corresponde una función de distribución de probabilidades, que registra la probabilidad acumulada de acuerdo con una fórmula semejante a dada en la ecuación 6.1. El lenguaje implementa dicha función mediante la función `ppois()`, aunque se pudiera hacer un cálculo semejante al que se hizo anteriormente con `Reduce()` en el caso de la distribución uniforme. En seguida se presentan y comparan ambas versiones.

```
# Con Reduce se usa resultado anterior 'ds10'
Ps10A <- Reduce('+', ds10, accumulate=T)
Ps10A
```

```
##  [1] 0.0000454 0.0004994 0.0027694 0.0103361 0.0292527
##  [6] 0.0670860 0.1301414 0.2202206 0.3328197 0.4579297
## [11] 0.5830398 0.6967761 0.7915565 0.8644644 0.9165415
## [16] 0.9512596 0.9729584 0.9857224 0.9928135 0.9965457
## [21] 0.9984117

# Con la función nativa del lenguaje, se usa 'x'
Ps10 <- ppois(x, lambda=10)
Ps10

##  [1] 0.0000454 0.0004994 0.0027694 0.0103361 0.0292527
##  [6] 0.0670860 0.1301414 0.2202206 0.3328197 0.4579297
## [11] 0.5830398 0.6967761 0.7915565 0.8644644 0.9165415
## [16] 0.9512596 0.9729584 0.9857224 0.9928135 0.9965457
## [21] 0.9984117

# Los resultados son "semejantes"
```

Al igual que para el caso de la Fig. 6.19, se pueden producir los gráficos correspondientes a las dos funciones por medio de los datos obtenidos, `ds10` y `Ps10`, con el siguiente código.

```
# La función de densidad:
plot(x=x, y=ds10, type="h", lwd=2, xlab="y", ylab="ds10(y)")
# Por claridad se agregan puntos al gráfico:
points(x, ds10, pch=21, bg="red")
# La función de distribución:
plot(x, Ps10, type="s", col="red", lwd=2,
     xlab="y", ylab="Ps10(y)")
points(x, Ps10, pch=16)
```

El resultado de este código se muestra en la Fig. 6.20. Nótese que en todos los llamados a la funciones `plot()` y `points()`, se ha tenido que especificar tanto las X como las Y. Esto se debe a que ahora el rango de las X comienza con 0 y no con 1, como anteriormente.

El problema original, enunciado al principio de esta sección, en la página 156, se mencionan tres líneas de cajas, con razones promedio de 13, 10 y 6 clientes por minuto. Si se quiere ver los tres gráficos correspondientes a las funciones de densidad de probabilidades y los tres, correspondientes a las funciones de distribución de probabilidades, se pueden generar con el código que se presenta a continuación.

```
x <- 0:20 # vector con los datos
# Colores para cada función:
cc <- c("yellow", "springgreen", "navyblue")
# Las razones promedio para cada función
```

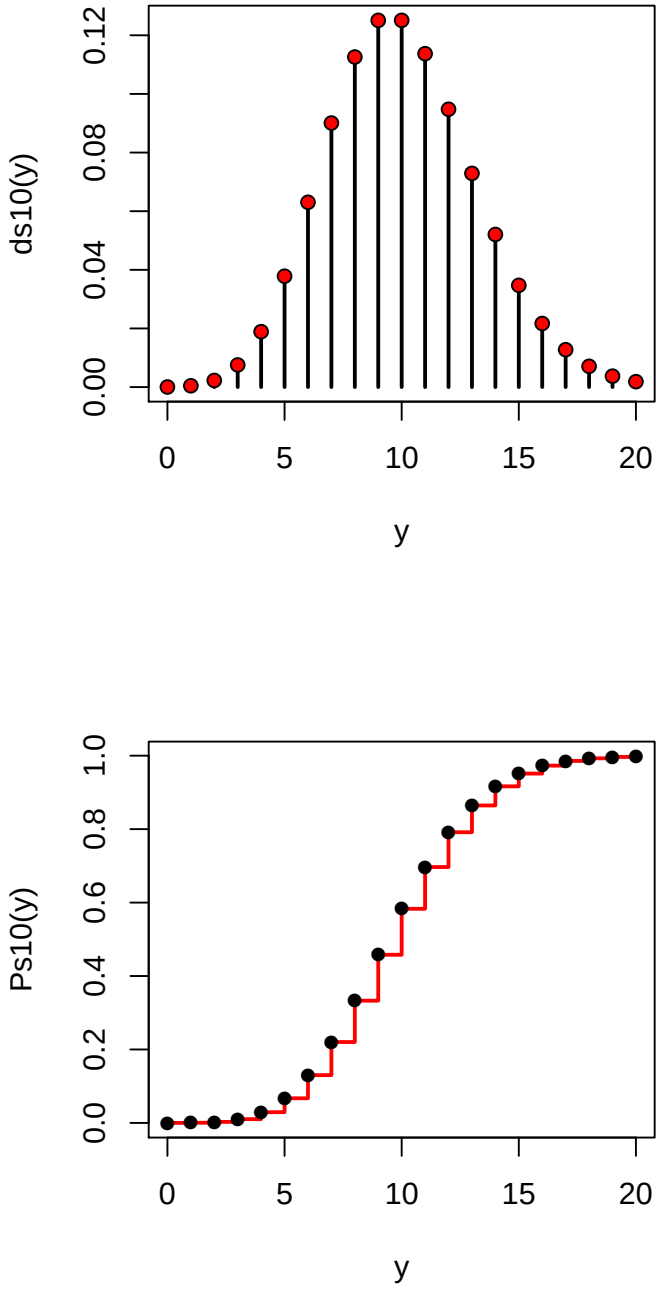


Figura 6.20: Las funciones de densidad y distribución de probabilidades de Poisson

```
# están dadas por:
lambdas <- c(6, 10, 13)
```

Para pintar las leyendas de ambas gráficas de manera que incluya expresiones simbólicas, con la letra griega lambda, semejantes a: $\lambda = 6$, es necesario hacer la siguiente manipulación:

```
qq <- as.expression(
         lapply(lambdas,
                function(x) bquote(lambda==.(x))))
# De este modo se tiene 'qq' como una expresión de tres
# componentes:
qq

## expression(lambda == 6, lambda == 10, lambda == 13)
```

Y entonces, para producir los gráficos correspondientes se hace con:

```
# La función de densidad de probabilidades se guarda en un
# data frame; una columna por cada lambda
ds <- as.data.frame(lapply(lambdas, function(ll) dpois(x, ll)))
names(ds) <- lambdas
# Igual, para la función de distribución de probabilidades,
Ps <- as.data.frame(lapply(lambdas, function(ll) ppois(x, ll)))
names(Ps) <- lambdas

# En la primer iteración se usará la función plot,
# y en todas las demás la función lines:
funcs <- list(plot, lines)

for (i in 1:3) {
    ff <- funcs[[1+(i!=1)]] # se elige la función
    ff(x,ds[[i]], type="o", pch=21,bg=cc[i])
}

# En la leyenda se incluye las expresión calculada antes
# y guardada en 'qq', para obtener los símbolos lambda
legend("topright",
       legend=qq,
       lty=1, pch=21, pt.bg=cc)

for (i in 1:3) {
    ff <- funcs[[1+(i!=1)]] # se elige la función
    ff(x,Ps[[i]], type="s")
    points(x,Ps[[i]],pch=21,bg=cc[i])
}
```

```
# Igual, aquí se incluye la expresión 'qq'
legend("bottomright",
       legend=qq,
       lty=1, pch=21, pt.bg=cc)
```

El resultado de este código se puede ver el la Fig. 6.21. Nótese que, para representar las funciones de densidad de probabilidades no se ha hecho con un gráfico tipo agujas, ya que al sobreponer las tres funciones, se hubiera prestado a confusión. En vez de ello, los puntos contiguos se han unido con una línea, sólo como una guía, ya que entre dos puntos consecutivos la función no tiene valor alguno.

Finalmente, queda por responder la pregunta de cuál es la probabilidad de que en cada una de las líneas de cajas se presenten 14 o más clientes por minuto. Para responderla, basta con usar la función `ppois()`, como se muestra a continuación.

```
# En orden son para lambda=6, 10, 13
lapply(lambdas, function(ll) 1-ppois(14, ll))

## [[1]]
## [1] 0.0014
##
## [[2]]
## [1] 0.08346
##
## [[3]]
## [1] 0.3249

# En este caso se ha restado la probabilidad resultante
# de la unidad (1) porque el resultado directo es que el
# valor sea menor o igual a 14.
# El mismo efecto se logra cambiando el argumento
# lower.tail, como sigue
lapply(lambdas, function(ll) ppois(14, ll, lower.tail=F))

## [[1]]
## [1] 0.0014
##
## [[2]]
## [1] 0.08346
##
## [[3]]
## [1] 0.3249
```

Así, las probabilidades de que se presenten 14 o más clientes por minuto son 0.14 %, 8.35 % y 32.49 % para las lineas de cajas de minusválidos, normales y rápidas, respectivamente.

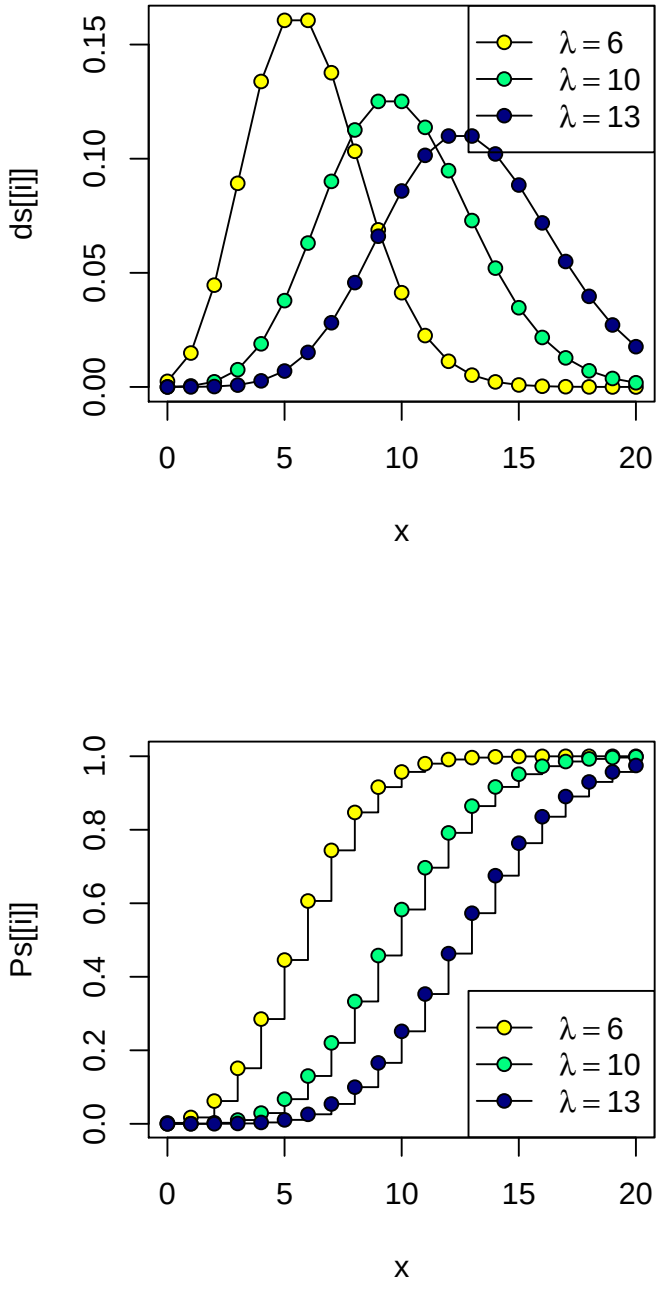


Figura 6.21: Funciones de densidad y distribución de probabilidades de Poisson múltiples

6.7. Dispositivos gráficos

Hasta aquí, no se ha dicho en dónde se despliegan o muestran todos los gráficos que se han elaborado. Esto es porque el lenguaje ha facilitado automáticamente un dispositivo de salida, a saber: una ventana en la pantalla donde se muestran los resultados gráficos. No obstante, en general se cuenta con distintos medios de salida que pueden ser, por ejemplo, otra ventana diferente o un archivo de algún tipo de datos gráfico.

Los distintos tipos de sistemas operativos donde funciona el intérprete del lenguaje, proveen de dispositivos por omisión, por ejemplo, en un ambiente de Unix o Linux, el dispositivo gráfico de pantalla se llama `x11`; en MS Windows, es `windows`, y en Mac OS X de Apple es `quartz`. Aparte de estos dispositivos, el sistema puede brindar información acerca de los que hay disponibles, en alguna instalación particular, por medio de la instrucción `?Devices` o, alternativamente, `help(‘‘Devices’’)`. Aparte, hay un conjunto de funciones, casi todas con el prefijo `‘‘dev.’’`, que permiten controlar y consultar los dispositivos gráficos; un resumen de las cuales se muestra en la siguiente tabla:

Función	Breve descripción
`dev.cur()`	Muestra el dispositivo en uso actualmente.
`dev.list()`	Muestra o lista los dispositivos abiertos.
`dev.next()`	Entrega el dispositivo siguiente del actual.
`dev.prev()`	Entrega el dispositivo anterior del actual.
`dev.set(d)`	Establece `'d'` como el actual o, en su defecto, al siguiente.
`dev.copy()`	Copia el contenido del actual al siguiente (*default*).
`dev.off()`	Cierra dispositivo actual.
`graphics.off()`	Cierra todos los dispositivos, salvo el de *default*.

A excepción del dispositivo por omisión (dispositivo 1), el lenguaje los administra mediante una lista *circular*, enumerados a partir del número 2. Los componentes de dicha lista se pueden consultar con la función `dev.list()`. Solamente en uno de esos dispositivos se publican las gráficas y es el que se denomina dispositivo actual (*current*, en inglés) y su identificador numérico se puede averiguar con la función `dev.cur()`. Este dispositivo se cambia cada vez que se abre uno nuevo, ya que este último de convierte en el actual; pero también, se puede establecer, en cualquier momento, alguno de los dispositivos abiertos como el actual, mediante la función `dev.set()`. Las funciones `dev.next()` y `dev.prev()` permiten conocer, respectivamente, el siguiente y el anterior de algún dispositivo dado como argumento o, en su ausencia, permiten conocer el siguiente y el anterior del dispositivo actual. La función `dev.off()` cierra el dispositivo actual o alguno dado como argumento. La función `graphics.off()` cierra todos los dispositivos abiertos. La función `dev.copy()` copia el contenido del dispositivo actual al siguiente o a algún dispositivo que se especifica como argumento y deja como dispositivo actual a aquel en el que se realizó la copia.

Figura 6.22: Proceso para crear un gráfico en un dispositivo

Además del tipo de dispositivo que el sistema provee por default, esto es, una ventana que se abre en alguna porción de la pantalla y que, en general es volátil, hay dispositivos que están dirigidos a conservar la información gráfica en medios más permanentes, típicamente en archivos. Entre ellos, están los que guardan la información en un formato conocido como raster, esto es, como una matiz de pixels: `png()`, `jpeg()`, `bmp()`, `tiff()`. Por otra parte, están los dispositivos que almacenan la información en un formato vectorial, esto es, conservando la información de los objetos gráficos, como líneas, puntos, *fonts*, etc.: `pdf()`, `postscript()`, `xfig()`, `svg()`. En general, al abrir cualquiera de estos dispositivos se debe proveer el nombre del archivo donde se guardará el gráfico o gráficos que se produzcan, o en caso de omitir tal nombre, el sistema asigna uno por *default*.

En general, el proceso de crear un gráfico en un dispositivo, es semejante al de crear un archivo para escritura de renglones de texto. Este proceso se muestra en la Fig. 6.22. De manera semejante que al archivo de texto se añaden líneas mientras está abierto, a un dispositivo gráfico se pueden añadir *operaciones gráficas*, mientras esté abierto. De igual manera que se pueden tener abiertos simultáneamente varios archivos de texto, se pueden tener abiertos varios dispositivos gráficos al mismo tiempo. Y, de modo semejante que la escritura de lineas de texto puede ser dirigida cualquiera de los archivos abiertos, se pueden dirigir las operaciones gráficas a cualquiera de los dispositivos abiertos; la diferencia en este caso, es que, para los archivos de texto, el archivo al que se direcciona la escritura se menciona en la misma operación de escritura, mientras que en el caso de los dispositivos gráficos, el dispositivo actual se establece con la función `dev.set()`.

Para ilustrar el proceso de creación de gráficos en dispositivos, se desarrollará un ejemplo en el que se abren varios dispositivos de pantalla, con la función `x11()`, para el caso de Linux, y en distintos momentos se mandan o añaden operaciones gráficas a estos dispositivos. Posteriormente, el contenido gráfico de uno de los dispositivos de pantalla se copia a un dispositivo de archivo pdf(), para su posterior impresión o publicación.

El punto de partida del ejemplo, es lo que se quiere graficar: se trata básicamente de dos funciones de tipo sinusoidal con ruido aleatorio añadido en distintas proporciones, como se muestra a continuación. El ruido se producirá con una función generadora de números aleatorios con distribución uniforme:

`rnorm()`[5].

```
# Los 20 puntos de muestreo:
x <- seq(0,2*pi, length.out=20)
# Como se usarán números aleatorios, es
# conveniente establecer una "semilla" de tal
# modo que el experimento se pueda repetir:
set.seed(2)
# La primera función, afectada por un "ruido" de
# 0.30 por el número aleatorio
y <- sin(x) + 0.30*rnorm(20)
# La segunda función, afectada por un "ruido" de
# 0.15 por el número aleatorio
y1 <- sin(x) + 0.15*rnorm(20)
# Solo para ver comparativamente los datos como
# un data.frame
data.frame(sin(x), y, y1)
```

```
##         sin.x.        y       y1
## 1   0.000e+00 -0.26907  0.31362
## 2   3.247e-01  0.38015  0.14471
## 3   6.142e-01  1.09057  0.85266
## 4   8.372e-01  0.49805  1.13036
## 5   9.694e-01  0.94532  0.97014
## 6   9.966e-01  1.03631  0.62883
## 7   9.158e-01  1.12816  0.98736
## 8   7.357e-01  0.66381  0.64624
## 9   4.759e-01  1.07129  0.59478
## 10  1.646e-01  0.12296  0.20804
## 11 -1.646e-01 -0.03930 -0.05375
## 12 -4.759e-01 -0.18142 -0.42810
## 13 -7.357e-01 -0.85353 -0.57430
## 14 -9.158e-01 -1.22767 -0.95840
## 15 -9.966e-01 -0.46192 -1.11309
## 16 -9.694e-01 -1.66272 -1.05875
## 17 -8.372e-01 -0.57359 -1.09606
## 18 -6.142e-01 -0.60347 -0.74960
## 19 -3.247e-01 -0.02085 -0.40856
## 20 -2.449e-16  0.12968 -0.03698
```

[5]Una distribución de probabilidades tiene cuatro funciones asociadas: la de densidad, cuyo nombre inicia con la letra 'd', la de distribución, cuyo nombre comienza con la letra 'p', la de generación de números aleatorios, cuyo nombre comieza con la letra 'r', y, finalmente, la función de cuantiles, inversa de la función de distribución, cuyo nombre comienza con la letra 'q'. Así, por ejemplo, para la distribución normal, dichas funciones son: `dnorm()`, `pnorm()`, `rnorm()` y `qnorm()`; y para la distribución de Poisson, que se visitó previamente en este capítulo, son: `dpois()`, `ppois()`, `rpois()` y `qpois()`.

Ahora se procederá a graficar los datos correspondientes a una de las funciones en un primer dispositivo que se abrirá mediante `x11()`. A este primer dispositivo le corresponde el número de identificador 2.

```
x11() # <-DISPOSITIVO GRÁFICO NUM 2
# Se grafica la función representada por 'y'
plot(x,y, type="o", pch=15, col=colors()[120])
```

En seguida, se grafican los datos correspondientes a la segunda función, pero esto se hará en un segundo dispositivo que también se abre mediante la función `x11()`. A este segundo dispositivo le corresponde el identificador 3.

```
x11() # <-DISPOSITIVO GRÁFICO NUM 3
# Se grafica la función representada por 'y1'
plot(x,y1, type="o")
```

Ahora, con motivos de comparación, se añadirá una función seno *limpia* a cada uno de los dos gráficos anteriores; primeramente, se añadirá una curva 'seno' azul al gráfico correspondiente al primer dispositivo, esto es, al que tiene identificador 2.

```
# Se establece el dispositivo en el que se quiere
# añadir la curva 'seno' azul.
# Se podría usar dev.set(2), pero es más conveniente
# la manera que se muestra en seguida:
dev.set(dev.prev())
# Se añade la curva
curve(sin, add=T, lwd=2, col="blue")
```

Después se procede a añadir una curva 'seno' color rojo al gráfico contenido en el dispositivo cuyo identificador es 3.

```
# Se establece el dispositivo en el que se quiere
# añadir la curva 'seno' roja.
dev.set(dev.next())
# Se añade la curva
curve(sin, add=T, lwd=2, col="red")
```

Finalmente, se quiere tener en un mismo gráfico, en otro dispositivo por separado, una imagen que permita comparar ambas funciones. Con este propósito se abrirá un nuevo dispositivo, `x11()`, y en él se graficarán, con distintos símbolos, los puntos correspondientes a cada una de las funciones, y éstos se unirán por medio de la función `segments()`, que permite graficar segmentos de línea. Para comparar, se agregará también una curva correspondiente a la función seno sin ruido.

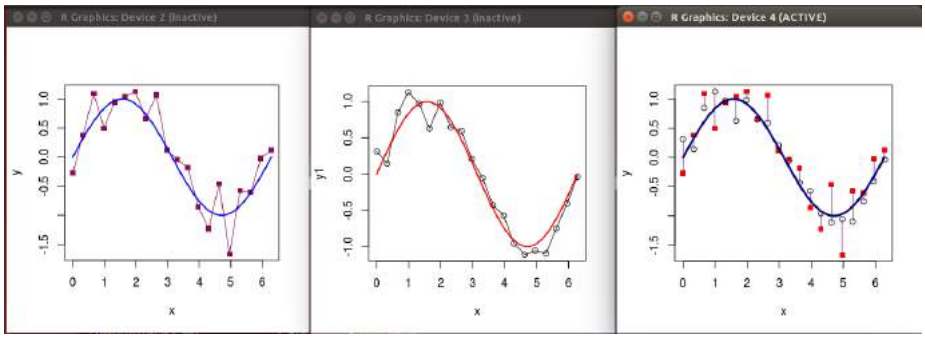


Figura 6.23: Tres dispositivos gráficos abiertos simultáneamente

```
x11() # <-DISPOSITIVO GRÁFICO NUM 4
# Los puntos de la primera función 'y'
plot(x,y, pch=15, col="red")
# Los puntos de la segunda función 'y1'
points(x,y1)
# Segmentos de línea entre los puntos
# correspondientes a 'y' y los
# correspondientes a 'y1'
segments(x, y, x, y1, col=colors()[99])
# La curva de referencia
curve(sin, add=T, lwd=3, col="navyblue")
```

Las tres ventanas resultantes de todo el código anterior se muestran en la Fig. 6.23. Nótense ahí los identificadores que aparecen en el título de cada ventana.

Para terminar, supóngase que se desea enviar el último gráfico, contenido en el dispositivo 4, a un archivo gráfico de tipo PDF. Esta operación se puede hacer mediante una copia con la función `dev.copy()`, como se muestra a continuación.

```
# Primeramente se abre el dispositivo, que,
# ahora viene a ser el actual
pdf("miArch.pdf")
# .. entonces nos regresamos al anterior que es
# el que contiene el material gráfico que nos
# interesa copiar
dev.set(dev.prev())
# Se hace la copia. Nótese que, en este caso,
# dev.copy() copia por default al dispositivo
# siguiente del actual.
dev.copy()
```

```
# ahora el pdf es el actual; pero
# se tiene que cerrar
# para que la copia tenga efecto:
dev.off() # cierra el dispositivo
```

Desde luego que las copias de material gráfico hechas con `dev.copy()`, no son de la calidad óptima. Si el asunto fuera la producción de un gráfico PDF con calidad óptima, lo apropiado sería, repetir las funciones de producción de los gráficos directamente en el dispositivo abierto, como se muestra a continuación:

```
pdf("miArch.pdf")
plot(x,y, pch=15, col="red")
points(x,y1)
segments(x, y, x, y1, col=colors()[99])
curve(sin, add=T, lwd=3, col="navyblue")
dev.off() # cierra el dispositivo
```

Capítulo 7

Ajuste con modelos estadísticos

Los modelos estadísticos son formalizaciones mediante las cuáles se interrelacionan entre sí varias variables aleatorias, cada una de las cuales tiene su correspondiente distribución de probabilidades. Este tema es muy general, y aquí sólo se abordará el de los modelos que se pueden formalizar como *una* variable, conocida como *respuesta* (*response* en inglés), definida en términos de un conjunto de variables conocidas como *predictoras*. Además, dado el alcance educacional del presente texto, estos modelos se revisarán aquí solamente hasta el punto de su formulación, a partir de un conjunto de datos, conocidos como *observaciones*, y de su explotación, o sea su uso, sin proceder más allá al asunto de la calificación y análisis estadístico de los mismos, para lo cual hay libros especializados (p. ej. Wood [2006] y Chambers and Hastie [1991]).

7.1. Modelos lineales

Para abordar este tema, se recurrirá a los datos sobre desempleo que se introdujeron en la sección 6.4 en la página 146. Ahí, la Fig. 6.17 en la página 151, en su segundo gráfico, sugiere que los porcentajes mostrados tienen una cierta tendencia creciente con el tiempo. Para abundar un poco más sobre este tema y trabajar con esos datos, se insertan nuevamente aquí[1].

```
# Porcentajes consecutivos por trimestre a partir del primer
# trimestre del año 2011, de desempleados con educación media
# superior o superior del total de desempleados en México:
prcnt <-c(
    34.6594306764, 35.2754003647, 35.40613204, 35.1855137062,
    36.6282823891, 37.3816513577, 37.5314871844, 36.3784124999,
```

[1]Fuente: Sitio del INEGI en Internet: www.inegi.org.mx

```
    37.8949982178, 37.9752539821, 37.5238097329, 38.8349502588,
    39.5894958061, 40.4058337918
)
```

En vez de utilizar un gráfico de barras, como se hizo anteriormente, aquí se hará un gráfico de puntos, en el rango de valores que nos interesa, con el siguiente código:

```
plot(prcnt,
    ylim=c(34, max(prcnt)), # <- Rango de valores de interés
    # El título:
    main="Incremento en Desempleo\nEduc.Media Sup o Superior",
    xlab="Trimestres a partir de 2011 (x)",
    ylab="% del total de desempleados (y)"
)
```

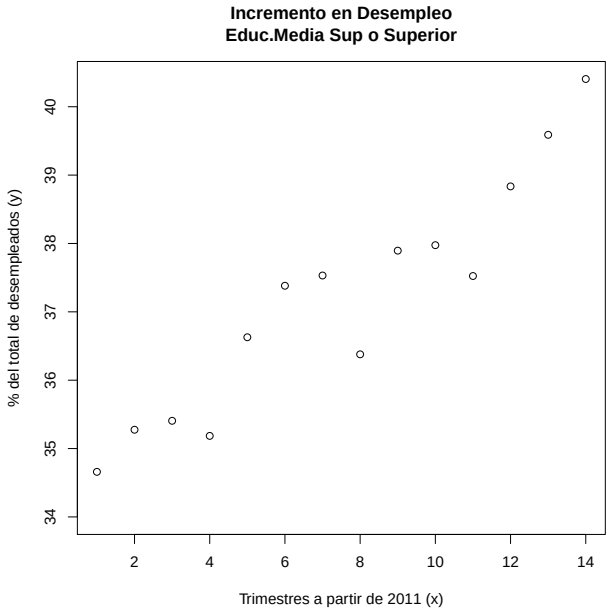
La apariencia visual que arroja el código anterior se puede ver en la Fig. 7.1(a). De ahí se intuye que uno pudiera trazar algún tipo de curva, típicamente una recta, que *siguiera más o menos el camino trazado o sugerido por los puntos*, como lo muestran los dos intentos de la Fig. 7.1(b).

Hasta aquí, aunque nuestro procedimiento, *a ojo*, para encontrar alguna línea que se *ajuste* a los datos, mismo que se ha mostrado en la Fig. 7.1(b), nos da alguna idea *más o menos regular* de por dónde andaría la línea en cuestión, no es de ninguna manera preciso. Supóngase, sin embargo, que la tal línea ideal existiera; entonces, para cada punto de los datos, se podría calcular la diferencia (*residuo*), entre el valor obtenido, en las ordenadas, en dicha línea con la misma abscisa y el del punto. Este valor se ha etiquetado en la figura para uno de los puntos con el símbolo ε. De hecho, el procedimiento para el cálculo de dichos residuos, se puede hacer para cualquier línea que se ocurra contra el conjunto de datos que se tiene. Si se suman los valores cuadrados de dichos residuos, se obtiene un valor asociado a cualquier línea *candidata* a ajustarse a los datos. La técnica para encontrar de entre todas las líneas candidatas posibles, la *mejor* u *óptima*, consiste en encontrar aquella cuya suma de residuos cuadrados sea la menor. Esta técnica se conoce con el nombre de regresión lineal por mínimos cuadrados y se puede estudiar a detalle en Walpole et al. [2012] pp. 394-397 y en Wood [2006] pp. 3-12. Aquí sólo se utilizarán los resultados de la aplicación de dicho método, que se encuentran ya consignados en el lenguaje.

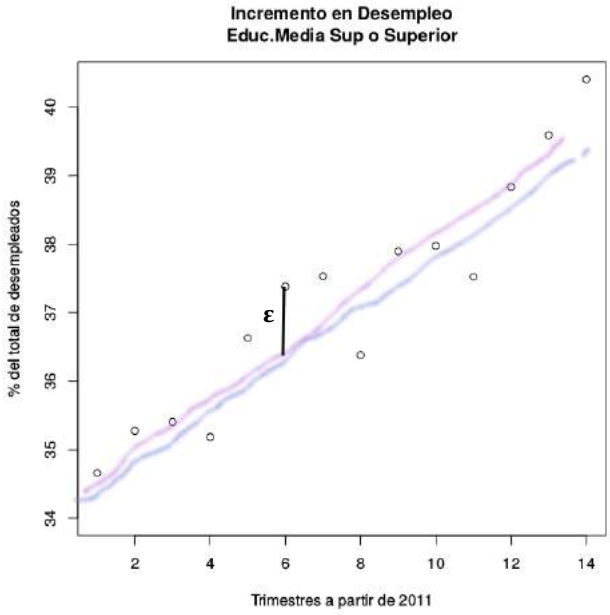
En general la ecuación de cualquier recta en el espacio del problema mostrado en la Fig. 7.1(a), estaría dada por:

$$y = \beta_0 + \beta_1 x \tag{7.1}$$

donde, β_0 es conocida como el *intersecto* o intersección con el eje Y, y β_1 es la pendiente o inclinación de la recta. Entonces, el asunto consiste en encontrar los valores de esos coeficientes, β_0 y β_1, para la línea recta *óptima*, señalada en el párrafo anterior. En R, esta operación se realiza por medio de la función



(a)



(b)

Figura 7.1: Gráficos de desempleo en educación media superior o superior en México

`lm()`, cuyo uso se describe a continuación con el ejemplo que se ha propuesto al principio de esta sección.

El primer paso consiste en arreglar los datos de una manera adecuada para que la función `lm()` los pueda manejar; esto es, se creará un *data frame*, con una columna correspondiente a las abscisas y otra, a las ordenadas, y sólo para usar los nombres de variables que se han empleado en la ecuación 7.1, se nombrarán de igual modo las columnas:

```
datos.desempleo <- data.frame(x=1:length(prcnt), y=prcnt)
head(datos.desempleo) # los primeros 6

##   x     y
## 1 1 34.66
## 2 2 35.28
## 3 3 35.41
## 4 4 35.19
## 5 5 36.63
## 6 6 37.38
```

Lo siguiente consiste en establecer la regla de dependencia entre los datos; esto es, hay que definir cuál es la variable de *respuesta* y cuál o cuáles son las variables *predictoras* o *de estímulo*. De la ecuación 7.1, se puede ver que la variable de respuesta es y, mientras que la única variable predictora es x. R tiene una manera muy particular de establecer esta relación por medio de la forma sintáctica conocida como una *fórmula*, y que para este caso particular se puede establecer como sigue:

```
# Para decir que 'y' depende de 'x' se
# crea una formula:
mi.formula <- y ~ x
```

Finalmente, para encontrar el ajuste lineal, se llama a la función lm(), indicando la fórmula y la fuente de los datos que se utilizarán, del siguiente modo:

```
mi.modelo <- lm(mi.formula, data=datos.desempleo)
# Ahora veamos el contenido del modelo:
mi.modelo

##
## Call:
## lm(formula = mi.formula, data = datos.desempleo)
##
## Coefficients:
## (Intercept)            x
##      34.281        0.388
```

El modelo encontrado contiene mucha información interesante desde el punto de vista estadístico y del proceso que se ha llevado a cabo para realizar el ajuste; pero, de momento, nuestro interés está en los coeficientes encontrados y que se han mostrado en la última parte del código anterior, y en la manera que se puede emplear el modelo para predecir algunos valores de la variable de respuesta y. Los coeficientes encontrados, en acuerdo con la ecuación 7.1, son β_0 =34.2813 y β_1 =0.3879, y con éstos, la ecuación de la línea recta encontrada sería:

$$y = 34.2813 + 0.3879x \tag{7.2}$$

En R, esta ecuación se puede implementar por medio de una función, extrayendo directamente los valores de los coeficientes del modelo como sigue:

```
mi.y <- function(x) {
    y <- mi.modelo$coefficients[1] + mi.modelo$coefficients[2]*x
    attributes(y) <- NULL
    return(y)
}
# Otra forma para extraer los coeficientes:
coef(mi.modelo)

## (Intercept)           x
##     34.2813      0.3879

# Para saber el valor que "predice" esta ecuación para una
# x = 3, correspondiente al 3er trimestre de 2011, se puede
# hacer con:
mi.y(3)

## [1] 35.45

# También se le puede pasar un vector con valores de x, así:
mi.y(9:11)

## [1] 37.77 38.16 38.55
```

Lo anterior, sin embargo, no es necesario, ya que el modelo se puede usar directamente para producir las predicciones por medio de la función `predict()`, como se muestra a continuación.

```
predict(mi.modelo, newdata=data.frame(x=3), type="response")

##     1
## 35.45

predict(mi.modelo, newdata=data.frame(x=9:11), type="response")
```

```
##     1     2     3
## 37.77 38.16 38.55

# Si se quisiera predecir cuál sería el porcentaje de desempleados
# con educación media-superior o superior para el 4o. trimestre
# del año 2015, ello correspondería al trimestre 20 a partir del
# primero de 2011, y se haría el cálculo con:
predict(mi.modelo, newdata=data.frame(x=20), type="response")

##     1
## 42.04
```

El modelo que se ha creado, como se ha dicho anteriormente, contiene además información estadística que se puede emplear para evaluar su *bondad*. Aunque aquí, no se entrará a todo el detalle de ella, sí se señalará cómo se puede obtener alguna de esa información, a saber, por medio de la función `summary()`:

```
summary(mi.modelo)

##
## Call:
## lm(formula = mi.formula, data = datos.desempleo)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -1.0247 -0.1644  0.0563  0.3718  0.7728
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  34.2813     0.3336   102.8   <2e-16 ***
## x             0.3879     0.0392     9.9    4e-07 ***
## ---
## Signif. codes:
## 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.591 on 12 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.891,Adjusted R-squared:  0.882
## F-statistic:   98 on 1 and 12 DF,  p-value: 3.99e-07
```

Finalmente, para hacer al menos una *evaluación visual* del modelo, sería interesante producir un gráfico en el que se muestren la línea que representa el modelo junto con los datos que lo originaron. Hay varias formas en las que esto se puede hacer y en seguida se muestran dos.

```
# Primeramente se grafican los datos originales, pero, se
# extenderá el rango de las X hasta el trimestre 20, para
# observar la predicción del último trimestre del 2015:
plot(prcnt,
    ylim=c(34, 42.5), # <- Rango de valores de interés
    xlim=c(1, 20),          # <- Las x, ahora de 1 a 20
    # El título:
    main="Incremento en Desempleo\nEduc.Media Sup o Superior",
    xlab="Trimestres a partir de 2011 (x)",
    ylab="% del total de desempleados (y)",
    # Características para el desplegado:
    pch=16, col="red"
)
```

PRIMER MÉTODO:

```
# PRIMER MÉTODO: la función abline con los
# coeficientes encontrados
abline(mi.modelo$coefficients[1], # Intercepto
       mi.modelo$coefficients[2], # coef. de x
       col="blue")                 # color de línea
```

SEGUNDO MÉTODO:

```
# SEGUNDO MÉTODO: Pasando directamente el
# modelo a la función abline:
abline(mi.modelo, # El modelo
       col="blue") # color de línea
```

Cualquiera de estos dos métodos produce el gráfico que se muestra en la Fig. 7.2. En ese gráfico se puede corroborar también el valor predicho para el 20-*avo* trimestre a partir de 2011, es decir, el cuarto trimestre del año 2015, esto es, el 42.04 %, calculado con anterioridad.

En general, se puede establecer que una variable de respuesta, dependa de más de una variable predictora, lo cual podría dar lugar a una ecuación como la siguiente:

$$y = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \ldots + \beta_n x_n \tag{7.3}$$

donde y sería la variable de respuesta y, $x_1, \ldots, x_n$ serían las variables predictoras. En este caso, si se suponen, por ejemplo, cuatro variables, la fórmula para establecer el modelo sería algo semejante a lo que se muestra a continuación.

```
otra.formula <- y ~ x.1 + x.2 + x.3 + x.4
# las variables predictoras son:
# x.1, x.2, x.3, x.4
```

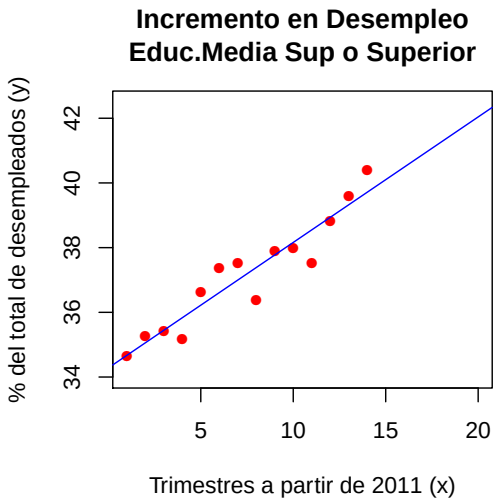


Figura 7.2: El modelo lineal encontrado junto con los datos que lo originaron

En la ecuación 7.3 no se establece exactamente la naturaleza de las variables $x_1, \ldots, x_n$, de tal manera que ellas podrían ser las potencias de una misma variable y de esta manera se podría construir una expresión polinomial como la siguiente:

$$y = \beta_0 + \beta_1 x + \beta_2 x^2 + \ldots + \beta_n x^n \tag{7.4}$$

que puede seguirse manejando mediante un modelo lineal, y en este mismo tenor es el ejemplo que se propone a continuación.

Se ha lanzado un proyectil de un cierto edificio, y con algún instrumento de medición se han tomado medidas que describen su trayectoria. Esas medidas, tomadas de un archivo con su registro, son las que en seguida se muestran.

```
# Los datos deberán estar en el archivo:
datos.tiro <- read.table("TiroLibre-medidas.txt")
# ... esos datos son:
datos.tiro

##         x        y
## 1   0.000 15.00000
## 2   1.346 16.08960
## 3   1.686 15.80621
## 4   3.018 16.32341
## 5   4.428 15.24018
## 6   4.849 14.03364
```

```
## 7   5.882 13.74336
## 8   6.841 11.68968
## 9   7.929  9.65126
## 10  9.035  6.44392
## 11 10.307  2.25051
## 12 10.800 -0.04693
```

Con esta información, se quiere tener un modelo de la descripción de su trayectoria, y de allí determinar, más o menos, a qué altura estaría el proyectil a una distancia horizontal de 5.5 unidades.

Para tener algún tipo de apreciación de los datos que se han provisto, conviene hacer un gráfico, de la siguiente manera:

```
# Se pueden graficar especificando explícitamente
# las X y las Y, así:
#      plot(datos.tiro$x, datos.tiro$y, pch=16, col="red")
# O de manera más compacta, simplemente dando el
# data frame, fuente de los datos:
plot(datos.tiro, pch=16, col="red")
```

El resultado del código anterior se puede ver en la Fig. 7.3. Se observa ahí que la trayectoria no corresponde a una línea recta; de hecho, se sabe de la física que se trata de una parábola, esto es, descrita por un polinomio de segundo grado, con una ecuación semejante a 7.4, de modo que hacia allá se dirigirá la solución del problema.

Los datos ya están en un *data frame* que la función `lm()` puede entender, de modo que nos concentraremos en la definición de la fórmula para especificar la dependencia entre la variable de respuesta y las predictoras. Para establecer la fórmula, sin embargo, se debe saber que en la sintaxis de fórmulas de R, los operadores, `+, -, *, ^, :`, tienen un significado distinto que el usual. Baste por el momento, saber que el operador '+' se maneja como un separador de términos, cada uno de los cuales se compone expresiones formadas con las variables predictoras; y el operador '-', se usa para eliminar términos. Si lo que se quiere es introducir expresiones en las que los operadores anteriores tengan su significado usual, ellas deben estar encerradas en el constructor sintáctico `I( )`. Como ese es el caso de lo que se desea expresar, nuestra fórmula de dependencia se construye de la siguiente manera:

```
formula.tiro <- y ~ x + I(x^2)
# El significado de x^2 dentro de I( )
# se toma 'textualmente', esto es, su
# significado es "equis cuadrada".
```

Así, el modelo *lineal*, de acuerdo con esa fórmula, ajustado a los datos provistos se construye como sigue:

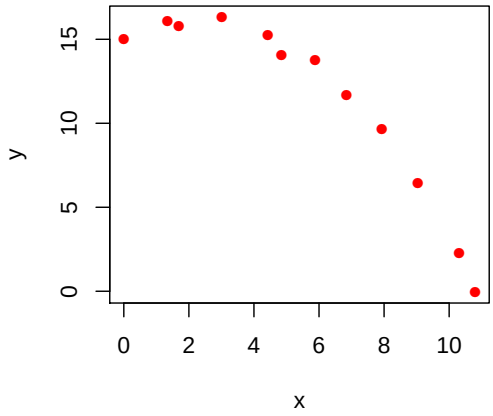


Figura 7.3: Medidas del lanzamiento de un proyectil

```
modelo.tiro <- lm(formula.tiro, data=datos.tiro)
# Veamos la información básica del modelo:
modelo.tiro

##
## Call:
## lm(formula = formula.tiro, data = datos.tiro)
##
## Coefficients:
## (Intercept)            x       I(x^2)
##      14.902        1.069       -0.224
```

De esta manera, la ecuación de la trayectoria del proyectil ajustada a los datos estaría dada por:

$$y = 14.902 + 1.069x - 0.224x^2 \tag{7.5}$$

Tanto para el uso del modelo, como para graficar la curva junto con los datos que lo originaron, es conveniente hacer una función basada en la función `predict()` del lenguaje, de la manera siguiente:

```
func.tiro <- function(x) {
    # El argumento x puede ser un solo número o un vector de
    # números
    predict(modelo.tiro, newdata=data.frame(x=x), type="response")
```

```
}
```

Y el problema de saber la altura del proyectil a 5.5 unidades, junto con otros valores, se resuelve así:

```
# Altura a 5.5 unidades horizontales:
func.tiro(5.5)

##  1
## 14

# Si se quiere conocer las alturas predichas por el modelo
# para las distancias 3.5, 4.3 y 8.2:
func.tiro(c(3.5, 4.3, 8.2))

##      1      2      3
## 15.900 15.357  8.603
```

Finalmente, si se quiere graficar la curva correspondiente al modelo, junto con los datos, se hace agregando al gráfico de la Fig. 7.3, la salida del código que se presenta a continuación. En este código se está añadiendo, además, sólo para comparar, lo que sería el resultado si los datos se hubieran ajustado a una línea recta.

```
# La curva ajustada:
curve(func.tiro, lwd=2, col="blue", add=T)
# Hagamos el modelo de una recta:
mod.recta <- lm( y ~ x, data=datos.tiro)
# Dibujémosla en el gráfico también:
abline(mod.recta) # va en negro, el default
# ---------------
# Pondremos una leyenda apropiada para identificar
# los objetos en el gráfico:
legend(
   "bottomleft", # Donde va la leyenda
   legend=c("modelo parabola", "modelo recta"), # textos
   lwd=c(2,1), # anchos de línea
   col=c("blue", "black") # colores para cada modelo
)
```

El resultado de este código, añadido a la figura anterior, se puede apreciar en la Fig. 7.4.

7.2. Modelos lineales generalizados

En los modelos que se han revisado en la sección anterior, se parte de la suposición de que la distribución de los residuos tiene una distribución normal,

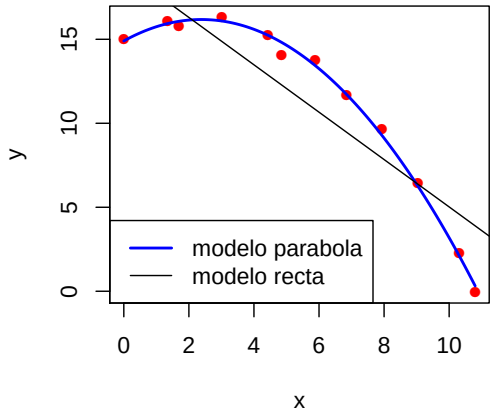


Figura 7.4: Dos modelos estadísticos ajustados con un mismo conjunto de datos

por lo menos de manera aproximada. Los residuos son la diferencia entre el valor observado y el valor obtenido por el modelo. Por otra parte, la variable aleatoria que se ha observado es continua y puede tomar cualesquiera valores. En muchos problemas, sin embargo, la variable de respuesta que se desea modelar no obedece a dichas características. Pensemos, por ejemplo, en variables que pudieran tener una repuesta binaria: "infectado" o "no infectado", "aprobado" o "reprobado", etc. Por supuesto que este tipo de variables no tienen una distribución normal.

Antes de entrar en la materia de los modelos lineales generalizados, daremos un poco de formalidad a los modelos lineales revisados en la sección anterior.

En las figuras 7.2 y 7.4 se muestran tanto los datos *experimentales*, en rojo, como las *curvas* resultantes del ajuste, en azul. En ambos casos, la curva o línea azul representa la media, μ, de la variable aleatoria, Y, y, por consiguiente, cada uno de los valores de la variable se podría expresar como sigue:

$$y_i = \mu + \varepsilon_i = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \ldots + \beta_n x_n + \varepsilon_i \tag{7.6}$$

donde, en la terminología de los modelos estadísticos, los ε_i son conocidos como los *residuos* del modelo[2]. Si se eliminan éstos de la ecuación anterior, se tiene que la media es el objeto o variable que está definida por la expresión lineal, como se muestra:

[2]Son precisamente estos residuos los que se presupone, como se dijo anteriormente, obedecen a una distribución normal de probabilidades.

ID	Horas-curso	Grupo	Aprobados	Proporción
A	15.5	20	2	0.1
B	21.8	20	4	0.2
C	28.1	21	6	0.286
D	34.5	19	9	0.474
E	40	25	15	0.6
F	40.9	21	18	0.857
G	47.3	20	18	0.9
H	53.6	21	21	1
I	60	20	19	0.95

Cuadro 7.1: Caso de los estudiantes en programa piloto

$$\mu = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \ldots + \beta_n x_n \tag{7.7}$$

Los modelos lineales generalizados parten de una expresión semejante a la anterior. Pensemos por un momento que dicha expresión no es la media, sino una variable cualquiera, η, que depende linealmente de las variables predictoras, así:

$$\eta = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \ldots + \beta_n x_n \tag{7.8}$$

Si ahora se piensa que de alguna manera la variable aleatoria, Y, y por consiguiente su media, μ, dependen de η, que se conoce como el *predictor lineal*, eso se puede expresar de la siguiente manera:

$$\mu = m(\eta), \quad \eta = m^{-1}(\mu) = \ell(\mu) \tag{7.9}$$

Aquí, ℓ se conoce como la función de liga, o *link*, ya que es la que establece una liga entre el predictor lineal, η, y la media real de la variable aleatoria, Y.

Por su parte, la variable aleatoria, Y, se supone con una distribución perteneciente a la familia de las distribuciones exponenciales, entre las que se encuentran: la Normal, la Gamma, la Binomial, la Poisson, y algunas otras más.

Para revisar este tipo de modelos estadísticos, se propone aquí un ejemplo en el terreno de lo que se conoce como *regresión logística* (*logit*).

7.2.1. Ejemplo de regresión logística

Considérese el siguiente caso:

En un sistema escolar se han diseñado cursos remediales de diversa extensión en horas de curso. Los cursos se aplicaron en un programa piloto a nueve grupos de estudiantes previamente reprobados durante los cursos normales del sistema. Los resultados del programa piloto se muestran en la tabla del cuadro 7.1.

En este ejemplo, lo primero que resalta es que el resultado importante se expresa en términos binarios, esto es, como *aprobado* o *no-aprobado*, que, en la

terminología de las distribuciones de probabilidades que manejan este tipo de resultados, se traduce como *éxito* (1) o *fracaso* (0) de la prueba. Aquí pues, lo interesante es modelar la *probabilidad* de éxito o fracaso en función de un conjunto de variables predictoras, que para el ejemplo se podría reducir a la única variable *horas-invertidas-en-el-curso*, representada por la columna *Horas-curso* en la tabla del cuadro 7.1. La probabilidad, sin embargo, tiene un valor que fluctúa entre 0 y 1, mientras que los modelos estadísticos lineales, revisados en la primera sección de este capítulo, están diseñados de tal manera que las variables de respuesta pueden tomar valores en todo el rango de los números reales. Es aquí, justamente donde la utilidad de la definición de una función de liga, introducida en la fórmula de la ecuación 7.9, se manifiesta, ya que ella establecerá una transformación entre un espacio y el otro.

Para abordar este tema, se recurre primeramente a la noción de la esperanza matemática condicional. En general, la esperanza matemática de una variable aleatoria se traduce en la media de la variable; esto es, $E(Y) = \mu$. Por otra parte, la esperanza condicional, denotada como $E(Y|X)$, es la esperanza de Y dado que ocurrió X, donde, para los modelos lineales vistos anteriormente, X podría representar el conjunto de las variables predictoras, en cuyo caso se tendría que $E(Y|X) = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \ldots + \beta_n x_n$.

Ahora bien, si Y es una variable aleatoria binaria que solamente toma los valores 1 o 0, la expresión para la esperanza matemática condicional estaría dada por:

$$E(Y|X) = Pr(Y = 1|X) \tag{7.10}$$

Así, la meta es modelar la probabilidad de éxito (Y=1), dado X, el conjunto de variables predictoras. En el caso particular del ejemplo propuesto, sólo hay una variable predictora, a saber, las *Horas-curso*; esto es, la variable x, denotará el número de horas invertidas en el curso. De la tabla provista en el cuadro 7.1, se puede observar que la proporción de éxito (número de estudiantes aprobados), en general, tiende a aumentar a medida que se incrementa el número de horas en invertidas en el curso.

Para analizar el problema, consideremos cualquier renglón de la tabla de datos, digamos el tercero. Aquí, al asistir a 28.1 horas de curso, de 21 estudiantes que conformaban el grupo, 6 resultaron aprobados. La modelación de este tipo de resultados, se hace mediante la distribución de probabilidades *binomial*. En este tipo de distribución, un experimento consiste de n pruebas o ensayos independientes, cada uno de los cuales tiene dos resultados posibles: *éxito* (1) o *fracaso* (0), y la probabilidad de éxito, p, en cada prueba permanece constante. Para el renglón que estamos considerando, $n = 21$, y la *frecuencia* de éxitos se puede tomar como la probabilidad, así, $p = 6/21 = 0.286$. En estas condiciones la función de probabilidad binomial, en general y en particular para este caso, está dada por:

$$Pr(y = k) = \left(\begin{array}{c} n \\ k \end{array} \right) p^k (1-p)^{n-k}$$
$$Pr(y = k) = \left(\begin{array}{c} 21 \\ k \end{array} \right) 0.286^k (1-0.286)^{21-k} \tag{7.11}$$

donde $\left(\begin{array}{c} n \\ k \end{array} \right) = \frac{n!}{k!(n-k)!}$, se refiere a las combinaciones de n en k; esto es, n elementos tomados de k en k, y donde además $k = 0, 1, \ldots 21$. En R, la función binomial de probabilidades se calcula con la función `dbinom()`. Como un ejemplo ilustrativo, incluimos aquí el código que permite hacer un gráfico de las probabilidades para los datos del tercer renglón de la tabla mostrada en el cuadro 7.1, y cuyo resultado se muestra en la Fig. 7.5.

```
# Creador de funciones de probabilidades binomiales
creaFBinom <- function(n,p) function(k) dbinom(k, n, p)
# Para el caso del ejemplo:
n <- 21
p <- 6/21 # frecuencia aprox= probabilidad
ffb <- creaFBinom(n, p)
# ffb(k) sería la función binomial para una k dada
# .. para el caso de todas las k de nuestro interés:
k <- 0:n # Esto es: 0,1,..,21
# Para este caso las probablididades son:
ffb(k)
```

```
##  [1] 8.537e-04 7.171e-03 2.868e-02 7.267e-02 1.308e-01
##  [6] 1.779e-01 1.898e-01 1.626e-01 1.139e-01 6.578e-02
## [11] 3.157e-02 1.263e-02 4.210e-03 1.166e-03 2.665e-04
## [16] 4.974e-05 7.461e-06 8.778e-07 7.803e-08 4.928e-09
## [21] 1.971e-10 3.755e-12
```

```
# Y la media (esperanza matemática) está dada por
# la suma de los productos de cada valor por su
# respectiva probabilidad, esto es:
(media <- sum(k*ffb(k)))
```

```
## [1] 6
```

```
# .. y la probabilidad asociada a este valor es:
ffb(media)
```

```
## [1] 0.1898
```

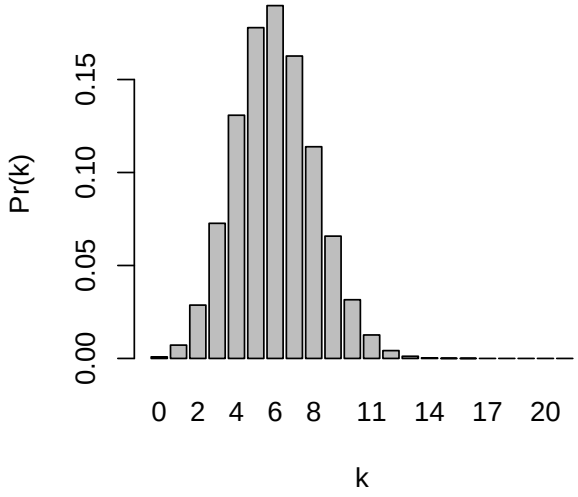


Figura 7.5: Función de probabilidades binomial: $n = 21$, $p = 6/21$

```
# Ahora procedemos a graficar esto con:
barplot(ffb(k), names.arg=k, xlab="k", ylab="Pr(k)")
```

El significado tanto de la fórmula, como del gráfico presentado en la Fig. 7.5 es que la altura de cada barra representa la probabilidad de que k estudiantes (el valor de k correspondiente a la barra), de los 21 que conforman el grupo, salieran aprobados en el programa piloto. No es una sorpresa que justamente de acuerdo con la función, $k = 6$, representa la media de la variable, y tiene una probabilidad de 0.1898.

Ahora bien, cada renglón de la tabla 7.1, tiene su propia función de probabilidades binomial y su propia representación gráfica como la mostrada en la Fig. 7.5. Esto es, básicamente, en la ecuación 7.11, el parámetro p (probabilidad de éxito) dependería del *renglón* de la tabla que se quisiera modelar, y éste, a su vez, identifica el caso del número de horas invertidas en el curso, que es, para el ejemplo, la única variable predictora, llamémosle x, que se usará. En otras palabras $p = p(x)$, con lo que la expresión citada sería semejante a:

$$Pr(y = k) = \left(\begin{array}{c} n \\ k \end{array} \right) p(x)^k (1 - p(x))^{n-k} \tag{7.12}$$

Por otra parte, todos los valores de estas probabilidades, como se ha dicho antes, fluctúan entre 0 y 1. Se requiere por tanto de funciones que mapeen del

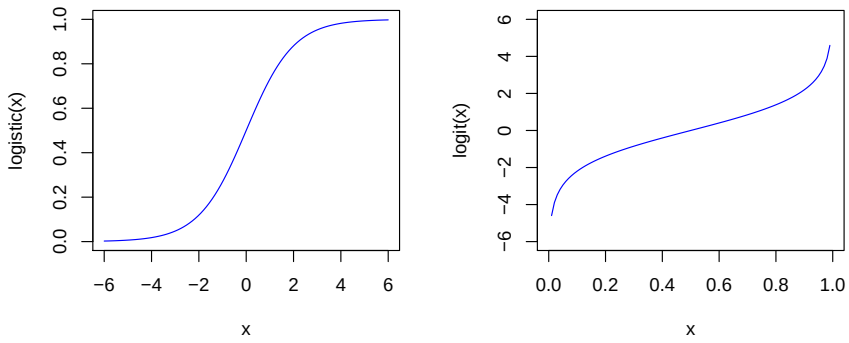


Figura 7.6: Las funciones *logística* y su inversa *logit*

dominio de todos los números reales, a los valores comprendidos en el intervalo entre 0 y 1, y viceversa. Unas funciones que sirven a este propósito y que son ampliamente usadas, son la función *logística* y su inversa, la función *logit*, cuyas definiciones respectivas se muestran a continuación, y cuyos gráficos se muestran en la Fig. 7.6.

$$logistic(t) = \frac{e^t}{1+e^t} = \frac{1}{1+e^{-t}} \tag{7.13}$$

$$logit(r) = log\left(\frac{r}{1-r}\right) = log(r) - log(1-r) = -log\left(\frac{1}{r} - 1\right) \tag{7.14}$$

¿Cómo intervienen estas expresiones en el tema? Primeramente observemos en la ecuación 7.12 que la probabilidad p depende de x. Pero, mientras que la variable x toma valores *arbitrarios* en el espacio de los números reales, por ejemplo 15.5, 21.8, 28.1, etc., $p(x)$ toma valores entre 0 y 1, de modo que se necesita realizar un mapeo del tipo establecido por la función *logística* de la ecuación 7.13. En efecto, el mapeo en cuestión es el siguiente:

$$p(x) = logistic(\beta_0 + \beta_1 x) = \frac{e^{\beta_0+\beta_1 x}}{1+e^{\beta_0+\beta_1 x}} \tag{7.15}$$

y, manipulando algebráicamente la ecuación se puede llegar a:

$$\begin{aligned} log\left(\tfrac{p(x)}{1-p(x)}\right) &= \beta_0 + \beta_1 x \\ logit\left(p(x)\right) &= \beta_0 + \beta_1 x \end{aligned} \tag{7.16}$$

En esta expresión, el cociente $\frac{p(x)}{1-p(x)}$ se conoce como la *razón de oportunidades* o *momios* de p[3], y es la probabilidad de éxito dividido entre la probabilidad de fracaso de una cierta prueba. Nótese además que el lado derecho en las dos expresiones de la ecuación 7.16 corresponde al predictor lineal que se persigue, y así, $logit\,(p(x))$, se constituye en la función de liga para el caso.

El problema ahora consiste en encontrar β_0 y β_1 a partir de expresiones como las mostradas en las ecuaciones 7.12, 7.15 y 7.16, y se resuelve por medio de técnicas tales como el método de la *estimación de la máxima verosimilitud*[4].

Para introducir brevemente el método de estimación de la máxima verosimilitud, abundaremos en algunos detalles del problema propuesto. La tabla del cuadro 7.1, caracteriza a varios grupos de estudiantes, que identificaremos con las letras A, B, C, D, E, F, G, H, e I. Supongamos que se sabe que un pequeño subgrupo de 15 estudiantes, entre los que hay 11 que aprobaron el curso, harán una fiesta; sin embargo, no se sabe de cuál de los grupos originales proviene el subgrupo. El problema es entonces determinar de cuál de estos grupos hay más posibilidades que provenga el subgrupo. Para medir esto, se calculará un indicador, L, al que denominaremos *verosimilitud*, con los datos proporcionados de n=15 y k=11. La fórmula, semejante a la de la ecuación 7.11, solamente que haciendo explícito que L está en función de p, es la siguiente:

$$L(p) = \binom{n}{k} p^k (1-p)^{n-k} \tag{7.17}$$

En R, podemos resolver el asunto, para cada uno de los renglones de la tabla, así:

```
# Primeramente leemos la tabla:
curso <- read.csv("CursoPiloto.csv", header=T)
# Veamos un fragmento de la tabla:
head(curso)

##   ID Horas Grupo Aprobados Proporcion
## 1  A  15.5    20         2      0.100
## 2  B  21.8    20         4      0.200
## 3  C  28.1    21         6      0.286
## 4  D  34.5    19         9      0.474
## 5  E  40.0    25        15      0.600
## 6  F  40.9    21        18      0.857

# Creador de funciones de probabilidades binomiales,
# .. sólo que ahora la función resultante tiene como
# .. argumento p
creaFBinom2 <- function(n,k) function(p) dbinom(k, n, p)
# En el caso que nos ocupa:
```

[3]En inglés *odds ratio*.
[4]En inglés *likelihood*.

```
n <- 15;  k <- 11
# .. y la función de Verosimilitud L es:
L <- creaFBinom2(n, k)
# La columma tt$Proporcion puede ser tomada como la
# probabilidad
# Agreguemos a 'curso' una columna con L para cada caso:
curso$L <- L(curso$Proporcion)
curso

##   ID Horas Grupo Aprobados Proporcion         L
## 1  A  15.5    20         2      0.100 8.956e-09
## 2  B  21.8    20         4      0.200 1.145e-05
## 3  C  28.1    21         6      0.286 3.715e-04
## 4  D  34.5    19         9      0.474 2.836e-02
## 5  E  40.0    25        15      0.600 1.268e-01
## 6  F  40.9    21        18      0.857 1.045e-01
## 7  G  47.3    20        18      0.900 4.284e-02
## 8  H  53.6    21        21      1.000 0.000e+00
## 9  I  60.0    20        19      0.950 4.853e-03
```

Del resultado anterior, se puede ver que el grupo con el máximo valor de L es el identificado con la letra E, para el que se encontró $L(0.6)=0.1268$, y es, por tanto, el que tiene más posibilidades de ser el origen del subgrupo de la fiesta.

Ahora bien, consideremos el problema en el que las probabilidades, p, no son fijas sino que dependen de x, de acuerdo con una expresión como la mostrada en la ecuación 7.15, y considerando que los resultados de cada uno de los grupos son independientes entre ellos, se puede aplicar la regla del producto de probabilidades y así, el indicador de verosimilitud estaría dado por:

$$L = \binom{n_1}{k_1} p\left(x_1\right)^{k_1} \left(1 - p\left(x_1\right)\right)^{n_1 - k_1} \times \ldots \times \binom{n_m}{k_m} p\left(x_m\right)^{k_m} \left(1 - p\left(x_m\right)\right)^{n_m - k_m} \tag{7.18}$$

donde,

$$p(x_i) = \frac{e^{\beta_0 + \beta_1 x_i}}{1 + e^{\beta_0 + \beta_1 x_i}}$$

para $i = 1, 2, \ldots, m$.

No existe una forma directa de encontrar los valores de β_0 y β_1 que maximizan la expresión dada en la ecuación 7.18, de modo que se resuelve por métodos de aproximaciones sucesivas, como el método de Newton-Raphson, o el método iterativo de mínimos cuadrados re-ponderado. Afortunadamente R, ya incorpora en la función `glm()`, un método de esos. El tipo de especificación que se usa con esta función es bastante similar al empleado con la función `lm()`, revisada al principio de este capítulo, con las siguientes distinciones para el caso de distribución binomial, que es el que nos ocupa:

- Se debe especificar distribución que se aplica mediante el argumento `family` de la función: `family=binomial`.
- En la fórmula y los datos, la variable de respuesta, para el caso de la distribución binomial, se puede especificar de tres maneras:
  1. Como un *vector*. En este caso, el sistema entendería que se trata de datos binarios y por lo tanto el vector tendría sólo valores 0 y 1.
  2. Como una *matriz* de dos columnas. En este caso, se entiende que la primera columna contiene el número de éxitos para la prueba y la segunda columna, el número de fracasos.
  3. Como un *factor*. En este caso, el primer nivel (o categoría) del factor, se entiende como fracaso (0), y todos los otros como éxito (1).
- La familia binomial, por omisión toma como función de liga la función *logit*, si se quisiera especificar otra de las disponibles, por ejemplo la función *probit*, se haría así: `family=binomial(link=probit)`.

Una vez establecido lo anterior, procedemos a resolver el problema en R, de la siguiente manera:

```
reprobados <- curso$Grupo-curso$Aprobados
aprobados <- curso$Aprobados
horasCurso <- curso$Horas
(exito <- aprobados/(aprobados+reprobados))

## [1] 0.1000 0.2000 0.2857 0.4737 0.6000 0.8571 0.9000 1.0000
## [9] 0.9500

# Aquí optamos por especificar la variable de respuesta
# como una matriz de dos columnas:
formula <- cbind(aprobados,reprobados) ~ horasCurso
mm <- glm(formula, family=binomial)
summary(mm)

##
## Call:
## glm(formula = formula, family = binomial)
##
## Deviance Residuals:
##    Min      1Q  Median      3Q     Max
## -1.240  -0.554   0.343   0.439   1.547
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)  -4.7056     0.7387   -6.37  1.9e-10 ***
## horasCurso    0.1407     0.0201    7.00  2.6e-12 ***
```

```
## ---
## Signif. codes:
## 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 95.6146  on 8  degrees of freedom
## Residual deviance:  6.9977  on 7  degrees of freedom
## AIC: 34.24
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4

# Hagamos una función para predecir con el modelo
ff <- function(x) predict(mm, newdata=data.frame(horasCurso=x),
                          type="response")
# De acuerdo con el modelo, las probabilidades de éxito
# para cursos de 30 y 50 horas serían:
ff(c(30,50))

##      1      2
## 0.3813 0.9113
```

Ahora procedemos a mostrar estos resultados gráficamente como sigue:

```
# Primeramente graficamos los datos observados
plot(horasCurso, exito, pch=16, col="red")
# Ahora agreguemos la curva correspondiente al modelo:
curve(ff, col="blue", add=T)
```

El resultado visual del código anterior se puede ver en la Fig. 7.7.

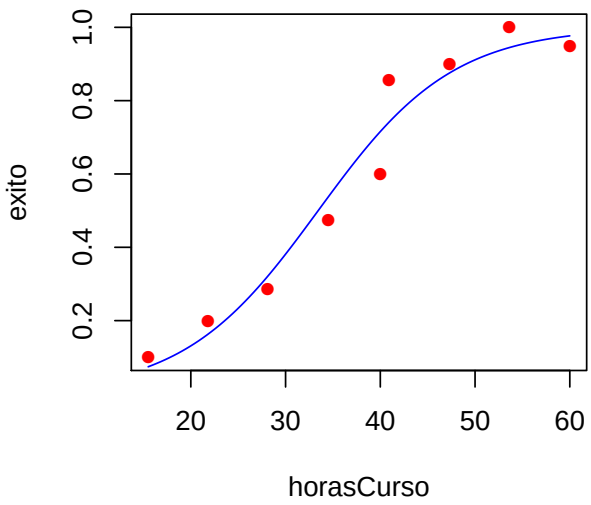


Figura 7.7: Resultados del problema de regresión logística resuelto con la función `glm()`

Bibliografía

Rafael Artzy. *Linear geometry*. Addison-Wesley series in mathematics. Addison-Wesley Pub. Co., 1974. ISBN 0-201-00362-7.

C. G. Broyden. A class of methods for solving nonlinear simultaneous equations. *Mathematics of Computation*, 19(92):577–593, October 1965.

John M. Chambers and Trevor J. Hastie, editors. *Statistical models in S*. Chapman & Hall, 1st edition, 1991. ISBN 0-412-05291-1.

Winston Chang. *R Graphics Cookbook*. O'Reilly Media, Sebastopol, CA, 1st edition, 2012. ISBN 978-1-449-31695-2.

Steven C. Chapra and Raymond P. Canale. *Numerical methods for engineers*. McGraw-Hill, New York, NY, 6th edition, 2010. ISBN 978-0-07-340106-5.

Edsger W. Dijkstra. Recursive programming. *Numerische Mathematik*, 2(1):312–318, 1960.

Paul Gilbert and Ravi Varadhan. *numDeriv: Accurate Numerical Derivatives*, 2012. URL `http://CRAN.R-project.org/package=numDeriv`. R package version 2012.9-1.

David Halliday, Robert Resnick, and Jearl Walker. *Fundamentals of physics*. Wiley, 7th, extended edition, 2005. ISBN 0-471-23231-9.

Michiel Hazewinkel. *Encyclopaedia of Mathematics (Encyclopaedia of Mathematics)*. Springer, 2001. ISBN 978-1-55608-010-4.

Ross Ihaka. R : Past and future history. Technical report, Statistics Department, The University of Auckland, Auckland, New Zealand, 1998.

Serge Lang. *Linear Algebra*. Undergraduate texts in mathematics. Springer-Verlag, New Yoirk, 3rd edition, 1987. ISBN 0-387-96412-6.

Paul Murrell. *R graphics*. Computer Science and Data Analysis Series. Chapman & Hall/CRC, London, UK, 2006. ISBN 1-58488-486-X.

W. N. Venables and B. D. Ripley. *Modern Applied Statistics with S*. Springer, New York, NY, 4th edition, 2002. URL `http://www.stats.ox.ac.uk/pub/MASS4`. ISBN 0-387-95457-0.

Ronald E. Walpole, Raymond H. Myers, Sharon L. Myers, and Keying Ye. *Probability & Statistics for Engineers & Scientists*. Prentice Hall / Pearson Education, Inc., Boston, MA, 9th edition, 2012. ISBN 10: 0-321-62911-6.

Simon N. Wood. *Generalized Additive Models: An Introduction with R*. Chapman & Hall/CRC, Boca Raton, Florida, first edition, 2006. ISBN 1-58488-474-6.

Yihui Xie. *Dynamic Documents with R and knitr*. The R Series. Chapman & Hall/CRC, 2013. ISBN 978-1482203530.


IMTA
INSTITUTO MEXICANO
DE TECNOLOGÍA
DEL AGUA


SEMARNAT
SECRETARÍA DE MEDIO AMBIENTE
Y RECURSOS NATURALES


UNESCO
Organización
de las Naciones Unidas
para la Educación,
la Ciencia y la Cultura


Programa
Hidrológico
Internacional


CONAMEXPHI
Comité Nacional Mexicano
del Programa Hidrológico Internacional