

Tarea01.R

Usuario

2020-02-12

```
library(repmis)
conjunto <- source_data("https://www.dropbox.com/s/hmsf07bbayxv6m3/cuadro1.csv?dl=1")

## Downloading data from: https://www.dropbox.com/s/hmsf07bbayxv6m3/cuadro1.csv?dl=1
## SHA-1 hash of the downloaded data file is:
## 2bdde4663f51aa4198b04a248715d0d93498e7ba

# Altura
mean(conjunto$Altura)

## [1] 13.9432

H.media<-subset(conjunto, conjunto$Altura <= 13.94 )
H.16 <-subset(conjunto, conjunto$Altura < 16.5 )

# Vecinos

Vecinos_3<-subset(conjunto, conjunto$Vecinos <= 3)
Vecinos_4<-subset(conjunto, conjunto$Vecinos > 4)

#Diametro

mean(conjunto$Diametro)

## [1] 15.794

DBH_media<- subset(conjunto, conjunto$Diametro < 15.794)
DBH_16<- subset(conjunto, conjunto$Diametro > 16)

#Especie

Cedro_Rojo <- subset(conjunto, conjunto$Especie=="C")
Tsuga_heterofila <- subset(conjunto, conjunto$Especie=="H")
Douglasia_verde <- subset(conjunto, conjunto$Especie=="F")

#Observaciones

conjunto$Diametro <= 16.9

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

```
## [37] FALSE FALSE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
## [49] FALSE FALSE
```

```
#Visualizacion de datos
```

```
par(mfrow=c(2,2))
```

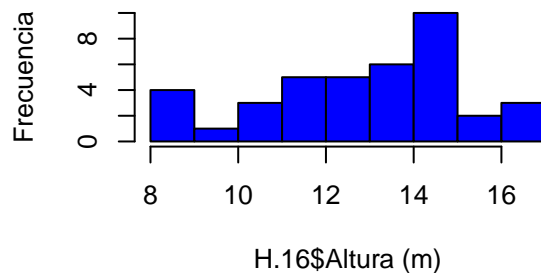
```
hist(H.16$Altura, col="blue", xlab = "H.16$Altura (m)",ylab = "Frecuencia", main = "Histograma de H.16")
```

```
hist(Vecinos_3$Vecinos, col="Yellow", xlab = "Vecinos_3",ylab = "Frecuencia", main = "Histograma vecinos_3")
```

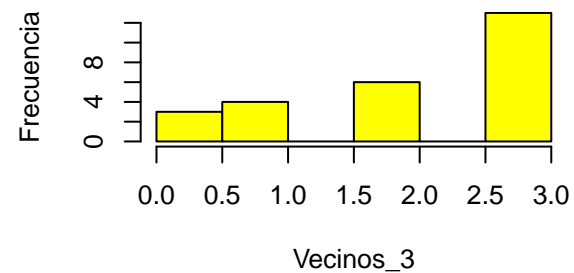
```
hist(conjunto$Diametro, col = "red", xlab = "Histograma", ylab = "Frecuencia", main = "Histograma de Diametro")
```

```
hist(DBH_16$Diametro, col = "green", xlab = "Histograma de DBH_16", ylab = "Frecuencia", main = "Histograma de DBH_16")
```

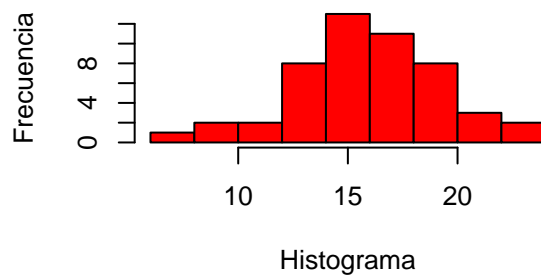
Histograma de H.16



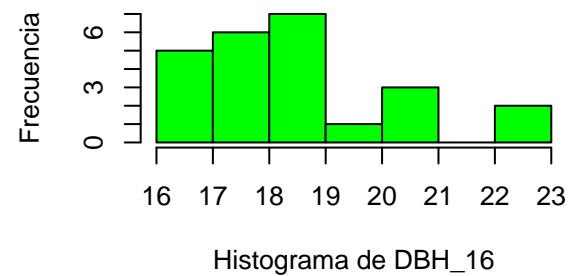
Histograma vecinos_3



Histograma de Diametro



Histograma de DBH_16



```
# 3 Graficas
```

```
ts.dug.h<-subset(conjunto, conjunto$Especie == "H")
```

```
ts.dug.f<-subset(conjunto, conjunto$Especie == "F")
```

```
ts.dug.hf<-subset(conjunto, conjunto$Especie == "H")
```

```
HyF<- rbind(ts.dug.h, ts.dug.f)
```

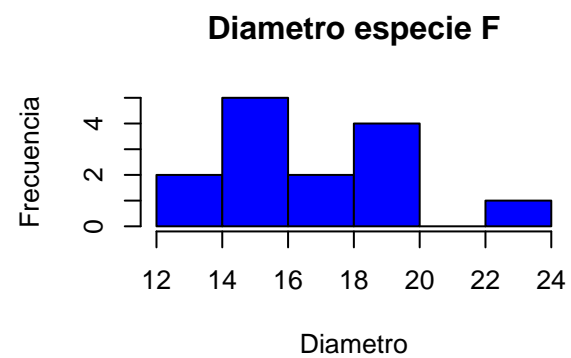
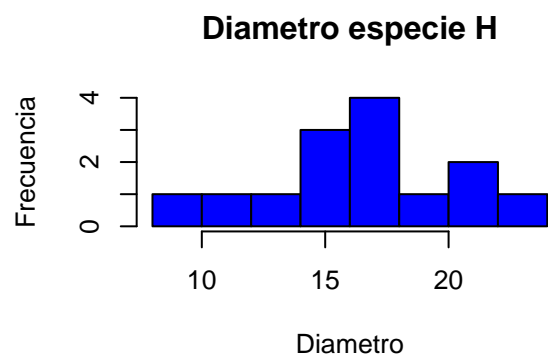
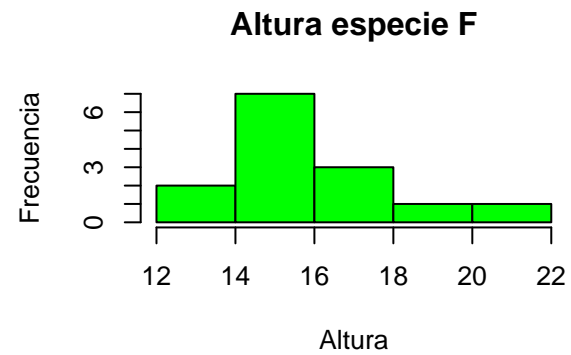
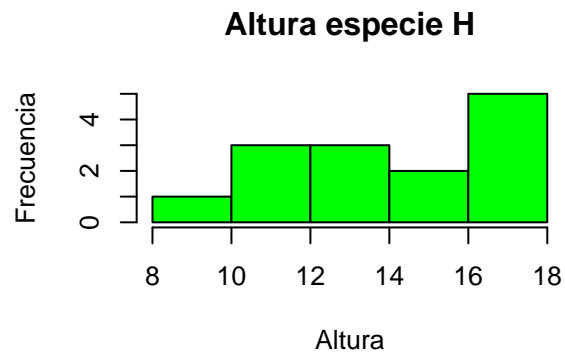
```
par(mfrow=c(2,2))
```

```
hist(Tsuga_heterofila$Altura, col = "Green", main = "Altura especie H", xlab = "Altura", ylab = "Frecuencia")
```

```
hist(Douglasia_verde$Altura, col = "green", main = "Altura especie F", xlab = "Altura", ylab = "Frecuencia")
```

```
hist(Tsuga_heterofila$Diametro, col= "blue", main = "Diametro especie H", xlab = "Diametro", ylab = "Frecuencia")
```

```
hist(Douglasia_verde$Diametro, col = "blue", main = "Diametro especie F", xlab = "Diametro", ylab = "Frecuencia")
```



```
par(mfrow=c(1,1))
```

```
#Estadísticas basicas
```

```
mean(conjunto$Altura)
```

```
## [1] 13.9432
```

```
mean(conjunto$Vecinos)
```

```
## [1] 3.34
```

```
mean(conjunto$Diametro)
```

```
## [1] 15.794
```

```
mean(H.media$Altura)
```

```
## [1] 11.53125
```

```
mean(H.16$Altura)
```

```
## [1] 12.85538
```

```
sd(conjunto$Diametro)
```

```
## [1] 3.227017
```

```
sd(conjunto$Vecinos)
```

```
## [1] 1.598596
```

```
sd(conjunto$Altura)
```

```
## [1] 2.907177
```

```
sd(H.media$Altura)
```

```
## [1] 1.74653
```

```
sd(H.16$Altura)
```

```
## [1] 2.210549
```