

## Lab-2.R

2022-05-13

```
#MZZ
#11/02/2022
#Lab 1

# Segundo Lab -----

#Primera parte

getwd()

## [1]
"C:/Users/antonio/Documents/Trabajo/M_Zamarripa_Principios_Estadistica_2022/Laboratorios"

setwd("C:/Users/antonio/Documents/Trabajo/M_Zamarripa_Principios_Estadistica_2022/Laboratorios")
trees <- read.csv("DBH_1.CSV",header = T)

head(trees)

##   Tree  dbh parcela
## 1    1 16.5      1
## 2    2 25.3      1
## 3    3 22.1      1
## 4    4 17.2      1
## 5    5 16.1      1
## 6    6  8.1      1

#Ingresar datos directo en la consola

dbh <- c(16.5, 25.3, 22.1, 17.2, 16.1, 8.1, 34.3, 5.4, 5.7, 11.2, 24.1, 14.5,
7.7, 15.6, 15.9, 10, 17.5, 20.5, 7.8, 27.3, 9.7, 6.5, 23.4, 8.2, 28.5, 10.4,
11.5, 14.3, 17.2, 16.8)

pro.ur <-
"http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/7635/1/accionesInspeccionvsrm.csv"

url<- read.csv(pro.ur)
```

```

pro.ur.2 <- paste0("http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/",
"archivo/7635/1/accionesInspeccionvsrm.csv")
url.2 <- (pro.ur.2)

archivo <-
paste0("https://raw.githubusercontent.com/mgtagle/", "202_Analisis_Estadistico
_2020/master/cuadro1.csv")
inventario <- read.csv(archivo)
head(inventario)

##   Arbol Fecha Especie Clase Vecinos Diametro Altura
## 1     1    12      F     C       4     15.3   14.78
## 2     2    12      F     D       3     17.8   17.07
## 3     3     9      C     D       5     18.2   18.28
## 4     4     9      H     S       4      9.7    8.79
## 5     5     7      H     I       6     10.8   10.18
## 6     6    10      C     I       3     14.1   14.90

# Base de datos -----

mean(trees$dbh)

## [1] 15.64333

sd(trees$dbh)

## [1] 7.448892

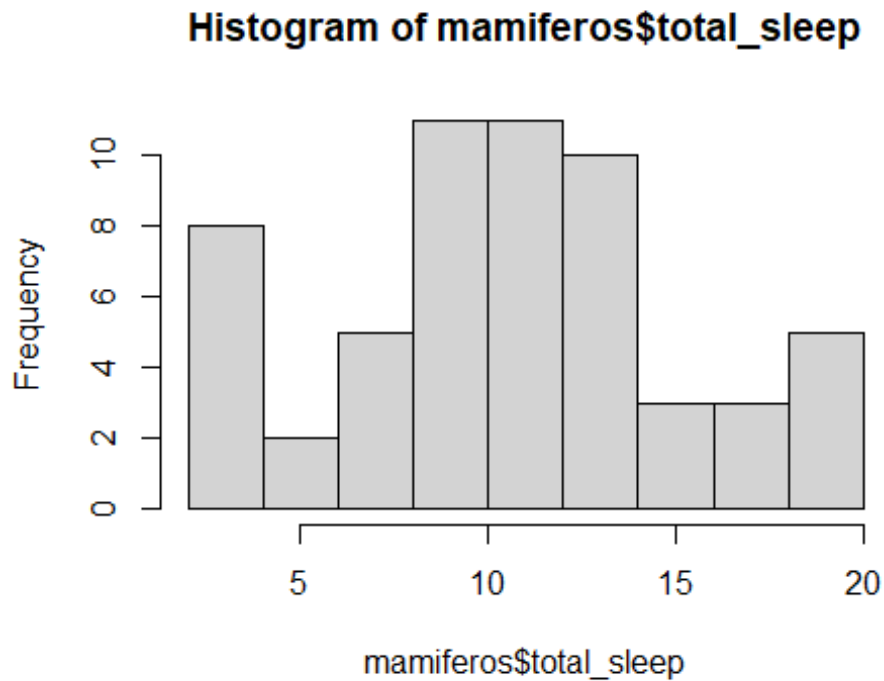
sum(trees$dbh < 10)

## [1] 8

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

hist(mamiferos$total_sleep)

```



```
#Cambiar ejes de la x
ylab = "Frecuencia"

#Cambiar ejes de la y
las =1

#Cambiar orientacion de y
col=("996600")

#Cambiar color de las barras

data("chichwts")

## Warning in data("chichwts"): data set 'chichwts' not found

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

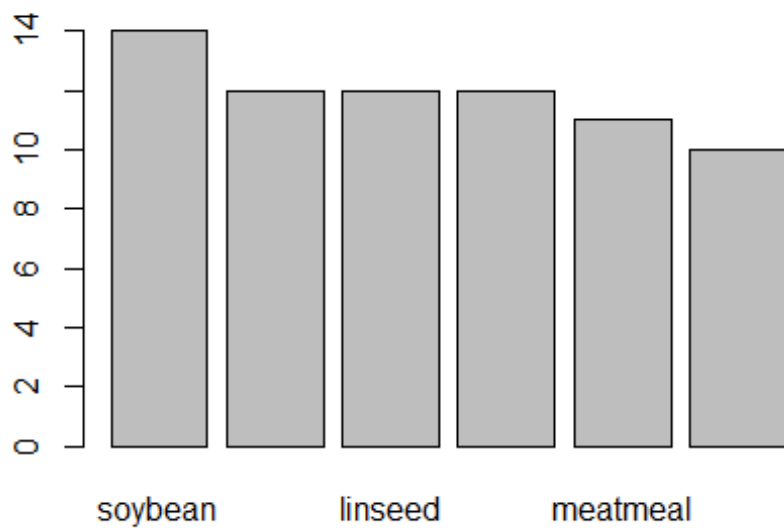
##      weight      feed
## 1      179 horsebean
## 2      160 horsebean
## 42     226 sunflower
## 43     320 sunflower
## 62     379  casein
## 63     260  casein

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

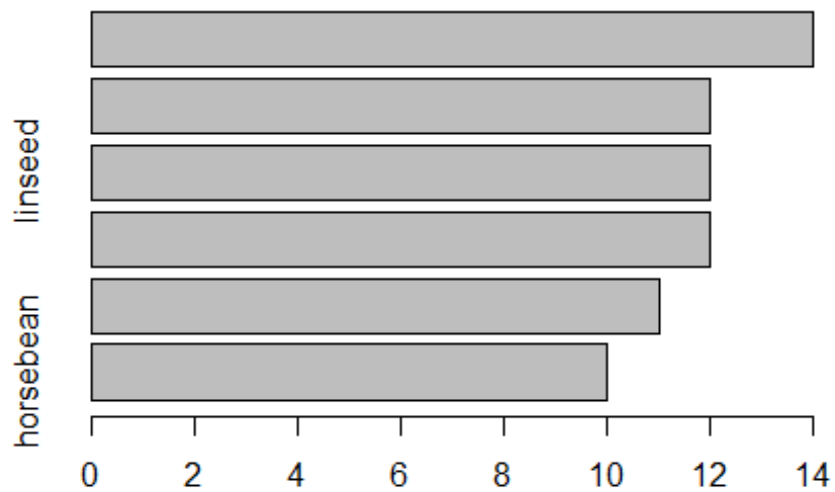
```
##
##   casein horsebean  linseed  meatmeal  soybean  sunflower
##      12      10      12      11      14      12
barplot(feeds)
```



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



```
#Histograma (propio)  
barplot(sort(feeds), horiz = TRUE)
```



```
main = "Frecuencia por tipos de alimentacion"
```