

Taller#1

Diana Catherine Davila

2022-03-13

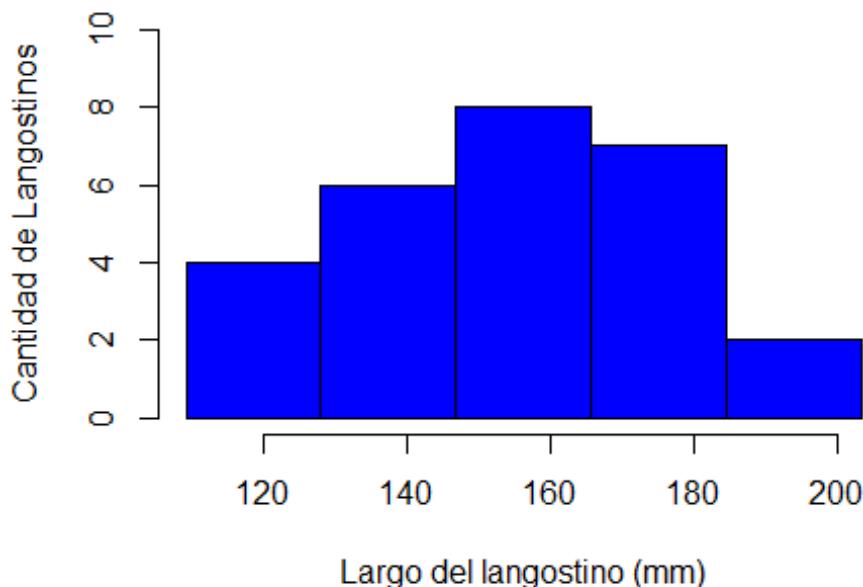
1. Al comparar los caracteres morfométricos de una especie de langostinos de gran importancia económica en Argentina se observaron diferencias de tamaño entre macho y hembra. En la siguiente tabla se presentan los datos (Largo total mm) de las morfometrías de machos y hembras obtenidos en diferentes recolectas (Ruiz & MENDIA, 2008).

- a. Histograma

```
# Se ordenan de manera ascendente Los datos de Los Langostinos machos
ordMachos <- sort(Machos,decreasing = FALSE)

# Se generan Las 5 clases solicitadas
clasesFrq <- (max(ordMachos) - min(ordMachos))/5
hist(x = ordMachos,main="Tamaño de langostinos Machos",col = 'blue', breaks =
seq(min(ordMachos),max(ordMachos),clasesFrq ),xlab = 'Largo del langostino
(mm)',ylab = 'Cantidad de Langostinos',ylim = c(0,10),xlim =
c(min(Machos),max(Machos)))
```

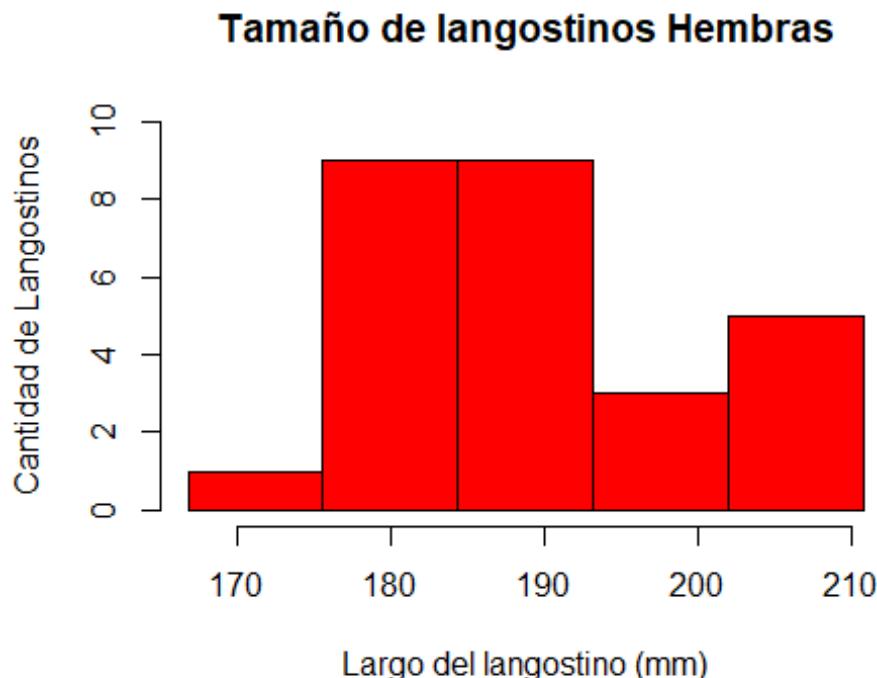
Tamaño de langostinos Machos



Conclusión.

R/: La grafica presenta una asimetría positiva puesto que los datos se agrupan más hacia la izquierda y tiene una curtosis de tipo mesocurtica los datos no presentan una agrupación muy alta o muy baja (distribución normal).

```
# Se ordenan de manera ascendente Los datos de Los Langostinos Hembras  
ordHembras <- sort(Hembras,decreasing = FALSE)  
  
# Se generan Las 5 clases solicitadas  
clasesFrq <- (max(ordHembras) - min(ordHembras))/5  
hist(x = ordHembras,main="Tamaño de langostinos Hembras",col = 'red', breaks  
= seq(min(ordHembras),max(ordHembras),clasesFrq),xlab = 'Largo del langostino  
(mm)',ylab = 'Cantidad de Langostinos',ylim = c(0,10),xlim =  
c(min(Hembras),max(Hembras)))
```



Conclusión.

R/: La grafica presenta una asimetría negativa y su curtosis es de tipo leptocurtica puesto que los datos se encuentras agrupados en las clases de 180 y 190

b. Promedio y la desviación estándar para cada sexo

```
# Se calcula el promedio  
hembrasPromedio <- mean(Hembras)  
  
#Se calcula La desviacion  
hembrasDesviacion <- sd(Hembras)
```

```

sprintf("Promedio de tamaño en hembras: %f",hembrasPromedio)
## [1] "Promedio de tamaño en hembras: 189.066667"
sprintf("Desviación estandar: %f",hembrasDesviacion)
## [1] "Desviación estandar: 9.831151"

```

Conclusión promedio y desviación estandar hembras

R/: Se puede concluir que segun la desviacion estandar se tiene una dispersion baja, los datos muestran una agrupacion entre el intervalo 180 y 210

```

# Se calcula el promedio
machosPromedio <- mean(Machos)

#Se calcula la desviacion
machosDesviacion <- sd(Machos)

sprintf("Promedio de tamano en machos: %f",machosPromedio)
## [1] "Promedio de tamano en machos: 154.466667"
sprintf("Desviación estandar: %f",machosDesviacion)
## [1] "Desviación estandar: 23.064625"

```

Conclusión promedio y desviación estandar machos

R/: Se puede concluir segun la desviacion estandar se tiene una dispersion alta basandonos en la media que nos arroja de (154.46)

c. Intervalo para la media del Largo total por sexo con un nivel de confianza del 97%.

```

#se calcula el intervalo con nivel de confianza
t.test(x= Hembras,mu= hembrasPromedio, conf.level = 0.97)

##
## One Sample t-test
##
## data: Hembras
## t = 0, df = 26, p-value = 1
## alternative hypothesis: true mean is not equal to 189.0667
## 97 percent confidence interval:
## 184.7230 193.4104
## sample estimates:
## mean of x
## 189.0667

t.test(x= Machos,mu= machosPromedio, conf.level = 0.97)

```

```

## 
##  One Sample t-test
##
## data:  Machos
## t = 0, df = 26, p-value = 1
## alternative hypothesis: true mean is not equal to 154.4667
## 97 percent confidence interval:
## 144.2760 164.6573
## sample estimates:
## mean of x
## 154.4667

```

#Conclusion del calculo anterior R/: Se puede concluir que el intervalo esta en la mitad de hembras y machos

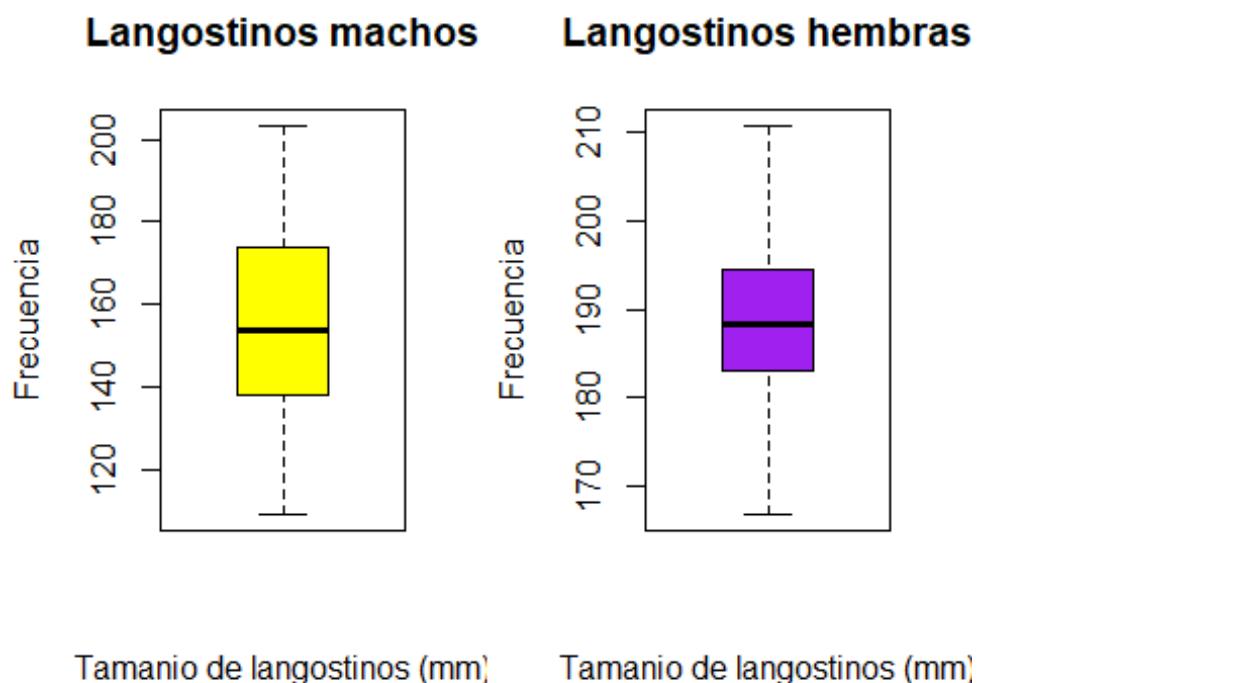
d. Boxplot por sexo

```

par(mfrow= c(1,2))
#Se genera el bloxpot para Los machos
boxplot(Machos, col="yellow", main = "Langostinos machos", xlab = "Tamanio de langostinos (mm)", ylab = "Frecuencia", horizontal = FALSE)

#Se genera el bloxpot para Las hembras
boxplot(Hembras, col="purple", main = "Langostinos hembras", xlab = "Tamanio de langostinos (mm)", ylab = "Frecuencia", horizontal = FALSE)

```

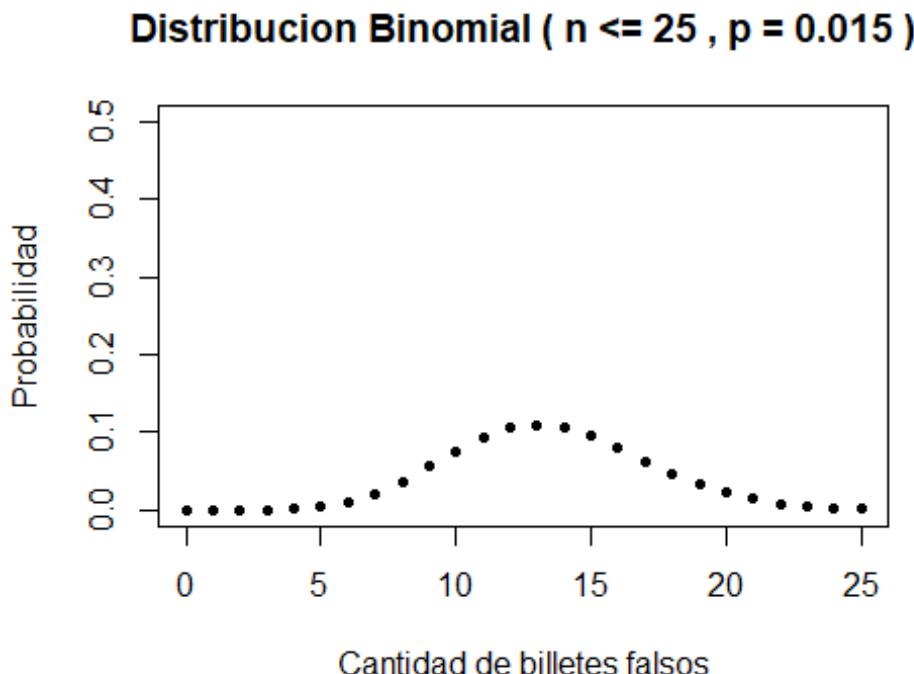


2. En un restaurante de la ciudad se sabe que la probabilidad de que se reciba un billete de \$50.000 falso es de 0.015. Si se sabe que en una semana se reciben pagos con 900 billetes de \$50.000, halle la probabilidad de que:

- a. A lo sumo 25 billetes sean falsos.

```
pe <- 0.015
#Se calcula La distribucion
Xa <- pbinom(25,900,pe)

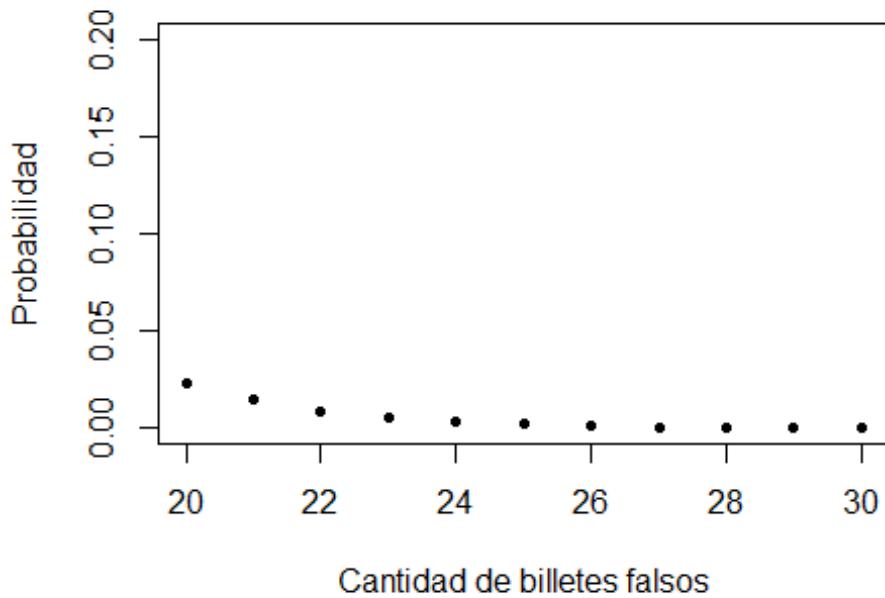
#Se grafica La distribucion
plot(0:25,dbinom(0:25,900,pe),main = 'Distribucion Binomial ( n <= 25 , p = 0.015 )', ylab = 'Probabilidad', xlab = 'Cantidad de billetes falsos', pch = 20, ylim = c(0,0.5))
```



- b. La cantidad de billetes falsos esté entre 20 y 30.

```
pe <- 0.015
#Se calcula La distribucion para billetes de 20
x1 <- pbinom(20,900,pe)
#Se calcula La distribucion para billetes de 30
x2 <- pbinom(30,900,pe)
xb <- x2-x1;
#Se grafica La distribucion
plot(20:30,dbinom(20:30,900,pe),main = 'Distribucion Binomial ( 20 < n < 30 , p = 0.015 )',ylab = 'Probabilidad',xlab = 'Cantidad de billetes falsos', pch = 20, ylim = c(0,0.2))
```

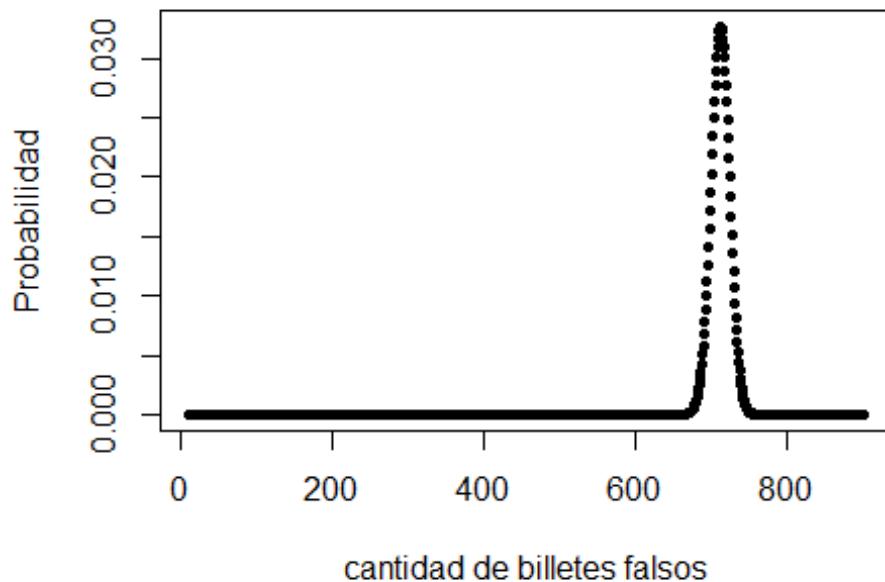
Distribucion Binomial ($20 < n < 30$, $p = 0.015$)



c. Más de 10 sean falsos.

```
pe <-  
#Se calcula la distribucion  
Xc <- 1 - pbinom(10,900,pe)  
plot(10:900,dbinom(10:900,900,pe),main = 'Distribucion binomial ( n > 10 ,  
p = 0.015 )',ylab = 'Probabilidad',xlab = 'cantidad de billetes falsos', pch  
= 20)
```

Distribucion binomial ($n > 10$, $p = 0.015$)

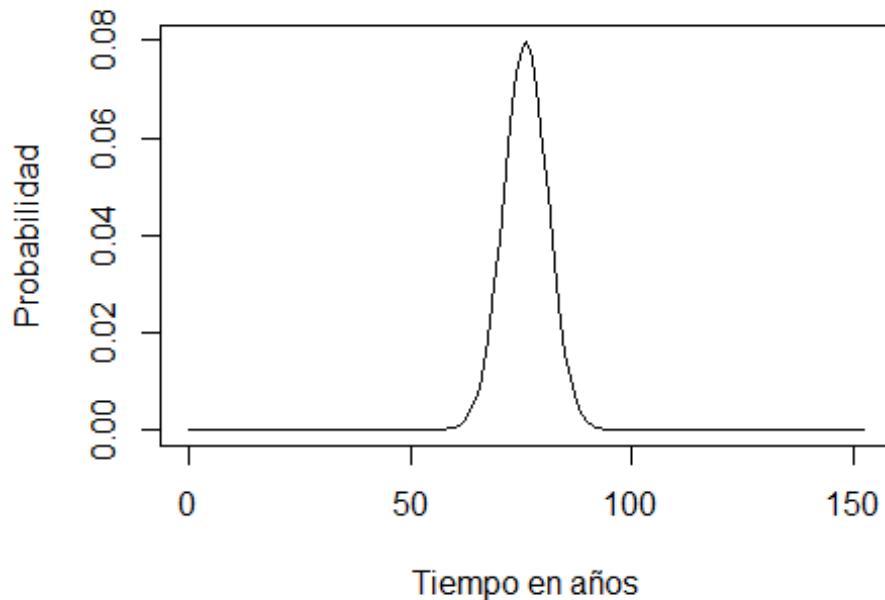


3. Según un estudio del Departamento Nacional de Estadística -DANE-, la vida media para el quinquenio de 2010 a 2015 de los habitantes de Colombia es 76 años, con una varianza de 25. Se pretende hacer un estudio con el objetivo de extrapolar los resultados anteriores a una pequeña ciudad de 100.000 habitantes, considerando que el tiempo de sobrevida es normal.

#Grafica de La distribucion normal

```
plot(0:152,dnorm(0:152,76,5),type = 'l',main = 'Esperanza de vida del quinquenio',xlab = 'Tiempo en años',ylab = 'Probabilidad')
```

Esperanza de vida del quinquenio



- a. habitantes que superarán previsiblemente los 92 años

```
media <- 76
var <- 25
ds <- 5
total<-100000

xa <- pnorm(92,media,ds,lower.tail = FALSE)
xa * total
## [1] 68.71379
```

R/: Se puede concluir de que los 100.000 habitantes, 68 habitantes pueden superar los 92 años

- b. viviran menos de 55 años o más de 75 años

```
total<-100000
mayorProb= pnorm(75,media,ds, lower.tail = TRUE)
menorProb= pnorm(56,media,ds, lower.tail = FALSE)

(menorProb - mayorProb)*total
## [1] 57922.8
```

R/: Se puede concluir que los 100.000 habitantes, 57922 habitantes pueden vivir algunos menos de los 55 años y algunos otros mas de los 75 años