# Fixar a semente

set.seed(1150)

# Definição dos parâmetros necessários para ambas as distribuições

n <- 114

location <- -0.4

scale <- 1.8

mu <- -1.9

variance <- 4

# Criação da amostra e respetiva ordenação

sample <- rcauchy(n, location, scale)

sortedSample <- sort(sample)

# Gerar os quantis de probabilidade para a distribuição Normal e de Cauchy

probQuantile <- (1:n) / (n + 1)

qCauchy <- qcauchy(probQuantile, location, scale)

qNormal <- qnorm(probQuantile, mean = mu, sd = sqrt(variance))

# Criar o data frame com os valores calculados previamente (estes data frame são criados para usar o ggplot)

cauchyData <- data.frame(Quantiles = qCauchy, Values = sortedSample)

normalData <- data.frame(Quantiles = qNormal, Values = sortedSample)

# Criar o gráfico adequado usando a função ggplot2

grafico <- ggplot() +

geom\_point(data = cauchyData, aes(x = Quantiles, y = Values, color = "Cauchy"), shape = 16, size = 2) +

geom\_point(data = normalData, aes(x = Quantiles, y = Values, color = "Normal"), shape = 16, size = 2) +

geom\_abline(intercept = 0, slope = 1, linetype = "dashed", size = 0.7, color = "black") +

labs(x = "Quantis", y = "Valores amostrais ordenados", title = "Comparação de quantis de probabilidade - Distribuição Normal vs Cauchy") +

scale\_color\_manual(values = c("Cauchy" = "blue", "Normal" = "red"),

labels = c("Cauchy", "Normal"),

name = "Distribuição:") +

theme\_minimal() +

theme(

legend.position = c(1, 0.3),

legend.justification = c(1, 1),

legend.box.just = "right",

legend.margin = margin(5, 5, 5, 5),

plot.margin = margin(30, 30, 30, 30, unit = "pt"),

panel.border = element\_blank(),

axis.line = element\_line(color = "black"),

axis.text = element\_text(color = "black"),

plot.title = element\_text(size = 14, face = "bold")

) +

coord\_cartesian(xlim = c(-70, 70), ylim = c(-350, 350))

# Exibir o gráfico

print(grafico)

Uma imagem com texto, captura de ecrã, file, Gráfico

Descrição gerada automaticamente