

```
prof_url <- "http://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/7635/1/accionesInspeccionfoanp.csv"
```

```
profepa <- read.csv(prof_url, encoding = "latin1")
```

```
head(profepa)
```

```
#Datos
```

```
summary(profepa)
```

```
#Media
```

```
mean(profepa$Inspección)
```

```
#Restricción
```

```
#Subset conjuntos para filtrar
```

```
ins <- subset(profepa, profepa$Inspección >= mean(profepa$Inspección))
```

```
bajo <-subset(profepa, profepa$Inspección <= mean(profepa$Inspección))
```

```
cero <-subset(profepa, profepa$Inspección == 0)
```

```
todos <- subset(profepa, profepa$Inspección !=mean(profepa$Inspección))
```

```
# Descarga de datos seguros-----
```

```
library(repmis)
```

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

```
#Llamar a la variable como factor
```

```
conjunto$Especie <- as.factor(conjunto$Especie)
```

```
conjunto$Clase <- as.factor(conjunto$Clase)
```

```
#Ver datos
```

```
summary(conjunto)
```

```
boxplot(conjunto$Diametro ~ conjunto$Especie)
```

```
SpFH <- subset(conjunto, conjunto$Especie != "C")
```

```
tapply(SpFH$Diametro, SpFH$Especie, mean)
```

```
boxplot(SpFH$Diametro ~ SpFH$Especie,
```

```
  xlab = "Especies",
```

```
  ylab = "Diámetro",
```

```
  col = "gold")
```

```
# Normalidad de datos -----
```

```
shapiro.test(SpFH$Diametro)
```

```
# Homogeneidad de varianza -----
```

```
bartlett.test(SpFH$Diametro, SpFH$Especie)
```

```
# Pruebas independientes -----
```

```
t.test(SpFH$Diametro ~ SpFH$Especie, var.equal = TRUE)
```

```
# Prueba de T de una muestra-----
```

```
t.test(conjunto$Diametro, mu = 16.4)
```

```
prod <- read.csv("produccion1.csv", header = T)
```

```
boxplot(prod$Kgsem ~ prod$Tiempo)
```

```
t.test(prod$Kgsem ~ prod$Tiempo, paried = T)
```

```
tapply(prod$Kgsem, prod$Tiempo, mean)
```