

# MRLS

Diana Paola Mendoza

2024-01-15

## R Markdown

This is an R Markdown document. Markdown is a simple formatting syntax for authoring HTML, PDF, and MS Word documents. For more details on using R Markdown see <http://rmarkdown.rstudio.com>.

When you click the **Knit** button a document will be generated that includes both content as well as the output of any embedded R code chunks within the document. You can embed an R code chunk like this:

```
summary(cars)
```

```
##      speed      dist
##  Min.   : 4.0    Min.   :  2.00
## 1st Qu.:12.0    1st Qu.: 26.00
##  Median:15.0    Median : 36.00
##  Mean   :15.4    Mean   : 42.98
## 3rd Qu.:19.0    3rd Qu.: 56.00
##  Max.   :25.0    Max.   :120.00
```

## Including Plots

You can also embed plots, for example:



Note that the `echo = FALSE` parameter was added to the code chunk to prevent printing of the R code that generated the plot.

---

## Modelo de Regresión lineal simple

---

#----- # Lectura de matriz de datos #-----

### Exportar la matriz penguins.xlsx

#1.- Instalación de la paquetería “ggplot2”

```
install.packages("ggplot2")
```

```
## Installing package into '/cloud/lib/x86_64-pc-linux-gnu-library/4.3'  
## (as 'lib' is unspecified)
```

#2.-Abrimos librería

```
library(ggplot2)
```

#----- # Exploracion de la matriz #-----

### 2.- Dimensión de la matriz

```
dim(penguins)
```

### 3.- Nombre de las columnas

```
str(penguins)
```

### 4.- Tipo de variables

```
colnames(penguins)
```

### 5.- En busca de datos perdidos

```
anyNA(penguins)
```

```
#----- # Configuracion de matriz #----- #1.- Convertir las  
variables categóricas a factores penguinsespecie <- factor(penguinsespecie, levels=c("Adelie", "Gentoo",  
"Chinstrap"))
```

```
penguinsisla <- factor(penguinsisla, levels=c("Torgersen", "Biscoe", "Dream"))
```

```
penguinsgenero <- factor(penguinsgenero, levels=c("male", "female"))
```

```
penguinsaño <- factor(penguinsaño, levels=c("2007", "2008", "2009"))
```

```
#----- # Selección de variables #-----
```

**1.- se seleccionaran los datos de la especie gentoo**

**y se crea una nueva matriz llamada “gentoo”**

## **Seleccion de la especie Gentoo**

```
penguins$especie gentoo<-penguins[153:176,c(4,5,6,7)]
#----- # Grafico de dispersion #----- pairs(gentoo)
#----- - # Calculo de la correlacion de Pearson #-----
cor(gentoo)
#----- # grafico de dispersion con linea de regresion #-----
MRL<-ggplot(gentoo, aes(x=masa_corporal_g, y=largo_pico_mm))+ geom_point()+ geom_smooth(method
= “lm”, formula=y~x, col=“dodgerblue1”)+ ggtitle(“Modelo de Regresión Lineal Simple”)+ xlab(“Masa
corporal (gr)”) + ylab(“Largo del pico (mm)”) + theme_light()
MRL2<-ggplot(gentoo, aes(x=largo_aleta_mm, y=grosor_pico_mm))+ geom_point()+ geom_smooth(method
= “lm”, formula=y~x, col=“darkviolet”)+ ggtitle(“Modelo de Regresión Lineal Simple”)+ xlab(“Masa
corporal (gr)”) + ylab(“Largo del pico (mm)”) + theme_light()
```

## **2.- Visualizacion del objeto**

MRL

```
MRL2 #----- # Cálculo y representación de la recta # por mínimos cuadrados
#----- - regresion<-lm(gentoolargo_pico_mm gentoomasa_corporal_g, data=gentoo)
summary(regresion)
#----- - regresion2<-lm(gentoolargo_aleta_mm gentoogrosor_pico_mm, data=gentoo)
summary(regresion2)
#----- # Coeficiente de Correlacion de Pearson (r) #-----
```

## **Del largo del pico y la masa corporal**

```
r1<- sqrt(0.5456) r1
```

## **Del largo de la aleta y el grosor del pico**

```
r2<-sqrt(0.4805) r2
```