```
#Para el análisis de correlación
install.packages("corrr")
library('corrr')
#Para visualizar la matriz de correlación
install.packages("ggcorrplot")
library(ggcorrplot)
#Para el PCA
install.packages("FactoMineR")
library("FactoMineR")
###Para cargar tus datos usa read.csv() y para ver que show usa str
datoscrot<- read.csv("varcrot2.csv")
str(datoscrot)
###Para checar que no haya missing valuessss
colSums(is.na(datoscrot))
####El show es unicamente con datos numéricos, no ocupamos la primera columna segun io, asi
que adioossssss
numdc <- datoscrot[,2:14]</pre>
#Nomas para ver
```

```
head(numdc)
#éxito
###Usando scale vamos a normalizar nuestros datitos
data_normalized <- scale(numdc)
head(data_normalized)
#Checaaa queeeee ya no tienes los mismos númerossss
###Toca hacer la matriz de correlaciones (usando el comando cor del paquete corrr) y visualizarla
en ggplot2###
corr_matrix <- cor(data_normalized)</pre>
#Carga estop
library('corrr')
library(ggplot2)
library(ggcorrplot)
matrizcor<-ggcorrplot(corr_matrix)</pre>
#Te sale un bonito heatmap<3
###Recuerda que:
#The result of the correlation matrix can be interpreted as follow:
#The higher the value, the most positively correlated the two variables are.
#The closer the value to -1, the most negatively correlated they are.#########
```

```
###Ahora si toca el PCA
data.pca <- princomp(corr_matrix)</pre>
summary(data.pca)
#Analiza lo de cumulative portion, cala que entre los dos primeros componentes se explica el 99%
de la varianza, so, agarras esos, acuerdate de que the $ operator is used to extract or subset a
specific part of a data object in R.#
data.pca$loadings[, 1:2]
###Para obtener la scree plot que nos dice la importancia de cada componente
install.packages("devtools")
library("devtools")
install_github("kassambara/factoextra")
##Te va a salió algo de skip updates, le diste espacio, enter, tecleaste un numero ajsjs pero tranqui
que solito pasa##
library("factoextra")
fviz_eig(data.pca, addlabels = TRUE)
##Tadaaaa! Si te salió nmmssss
###Lo repetiste para ponerle nombre y poder volverlo a llamarrrr
screeplot<-fviz_eig(data.pca, addlabels = TRUE)</pre>
###Para graficar las variables, o sea, tener el biplottttt
```