

DENDOGRAMA

Irma Eunice Martínez de la Cruz

2022-04-28

Dendrograma

1.-Cargamos librerias en esta ocasion sera la libreria “cluster.datasets”

```
install.packages("cluster.datasets")  
library("cluster.datasets")
```

2.- Bajamos la matriz de datos, para este ejercicio seleccione la matriz de datos “animal.cluster.trees”, la cual consiste en una tabla binaria que identifica qué animales están en un grupo determinado.

```
data("animal.cluster.trees")
```

3.-Cambiamos el nombre de la matriz a ACT

```
ACT=animal.cluster.trees  
head(ACT)
```

| ## | symbol | name | c.1 | c.2 | c.3 | c.4 | c.5 | c.6 | c.7 | c.8 | c.9 |
|------|--------|----------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| ## 1 | HN | Human | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 |
| ## 2 | WE | Whale | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 |
| ## 3 | CN | Chicken | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| ## 4 | BG | Bullfrog | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| ## 5 | MY | Monkey | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 |
| ## 6 | DG | Dog | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 |

4.-Calculo de la matriz de distancia de Mahalanobis

```
dist.ACT<-dist(ACT[,3:7])
```

5.-Convertir los resultados del Calculo de la distancia a una matriz de datos y me indique 3 digitos.

```
round(as.matrix(dist.ACT)[1:6, 1:6],3)
```

| ## | | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 |
|------|--|-------|-------|-------|---|-------|-------|
| ## 1 | | 0.000 | 0.000 | 1.732 | 1 | 0.000 | 0.000 |
| ## 2 | | 0.000 | 0.000 | 1.732 | 1 | 0.000 | 0.000 |
| ## 3 | | 1.732 | 1.732 | 0.000 | 2 | 1.732 | 1.732 |
| ## 4 | | 1.000 | 1.000 | 2.000 | 0 | 1.000 | 1.000 |

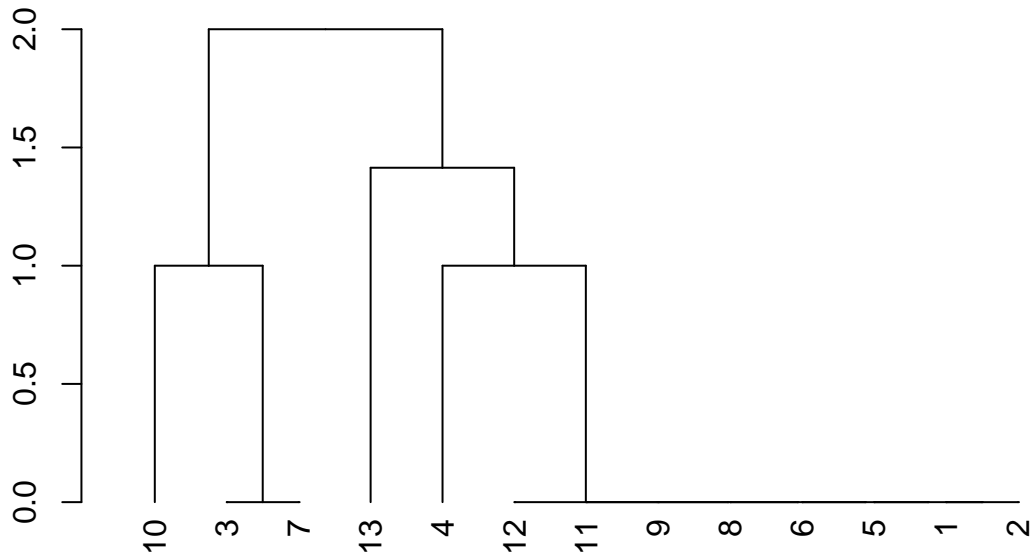
```
## 5 0.000 0.000 1.732 1 0.000 0.000
## 6 0.000 0.000 1.732 1 0.000 0.000
```

6.-Calculo del dendrograma

```
dend.ACT<-as.dendrogram(hclust(dist.ACT))
```

7.-Generacion del dendrograma

```
plot(dend.ACT)
```

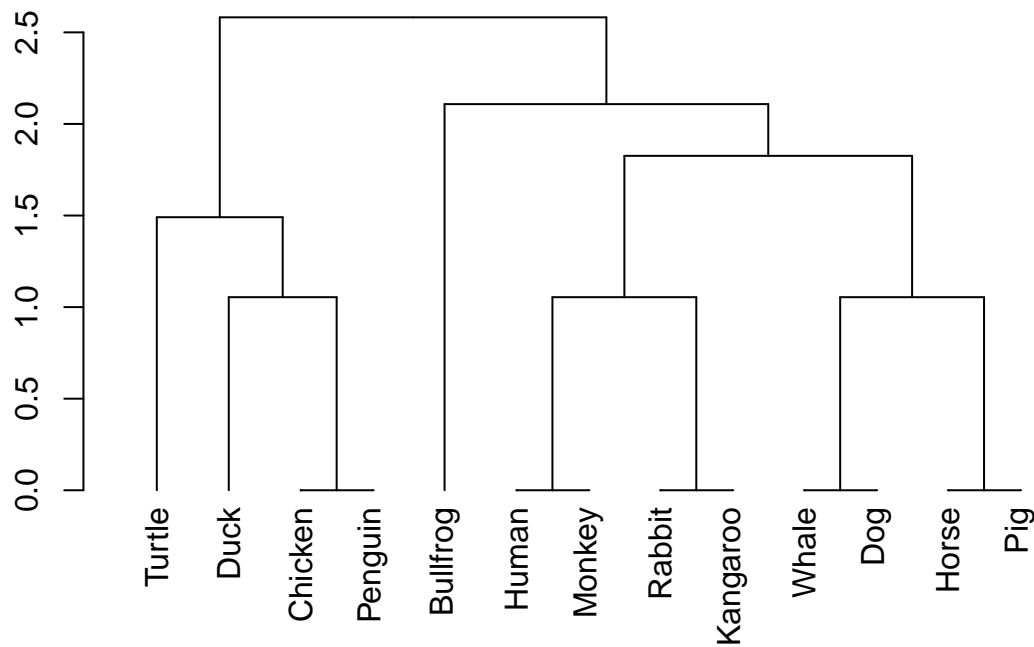


8.-Agregar etiquetas al Grafico

```
ACT.nombres=ACT
rownames(ACT.nombres)= ACT.nombres$name
ACT.nombres=ACT.nombres[, -1]
```

9.-Construimos de nuevo el Grafico

```
plot(as.dendrogram(hclust(dist(ACT.nombres))))
```



10.-Modificar el dendrograma

```
install.packages("dendextend")
library(dendextend)
```

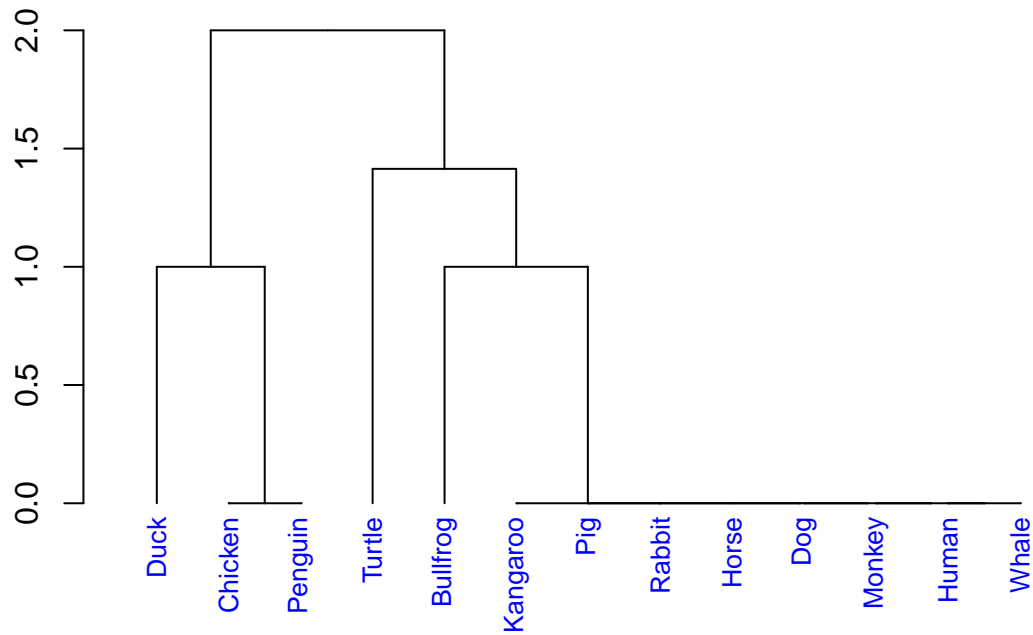
11.-Guardar las etiquetas en un objeto “L”

```
L=labels(dend.ACT)
labels(dend.ACT)=ACT$name[L]
```

12.-Cambiar el tamaño de las etiquetas

```
dend.ACT %>%
  set(what="labels_col", "blue") %>% #Colores etiqueta
  set(what="labels_cex", 0.8) %>%
  plot(main="Dendrograma de animales")
```

Dendrograma de animales



Dendrograma de

Circulo

```
install.packages("circlize")
library("circlize")
```

```
circlize_dendrogram(dend.ACT, labels_track_height=NA,
                    dend_track_height=0.1)
```

