

Apéndice. Código R

Se realiza una reducción de dimensionalidad mediante Isomap a 2D y se grafica el resultado.

```
library(vegan)
```

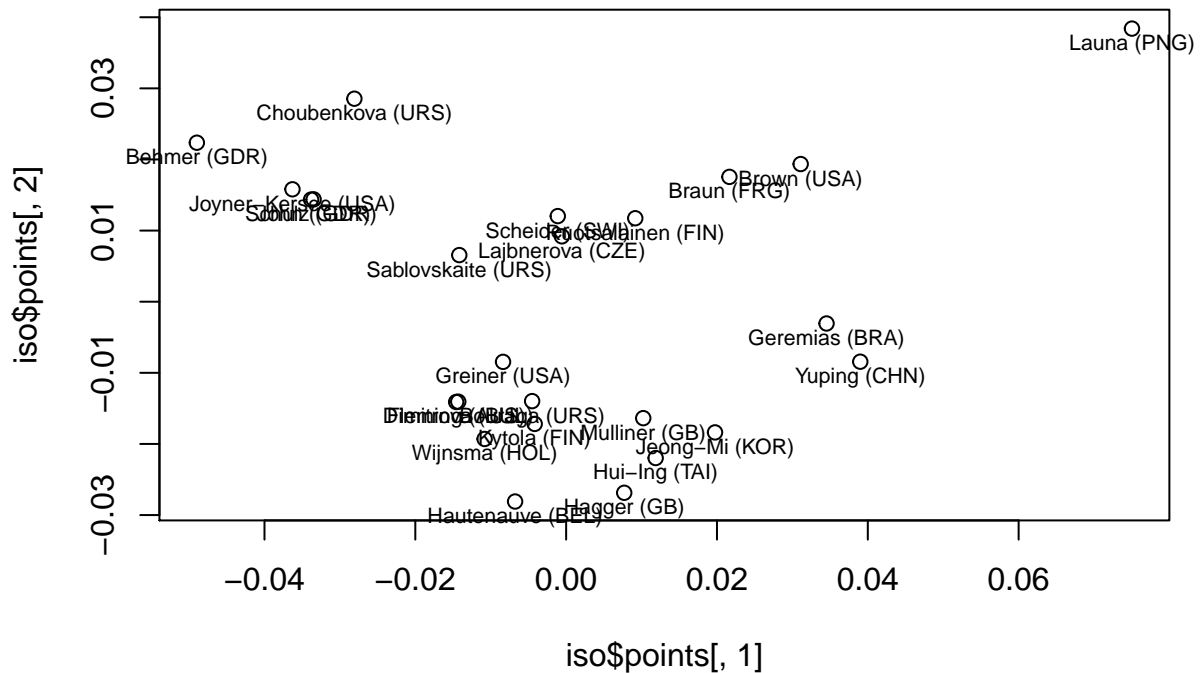
```
## Loading required package: permute
```

```
## Loading required package: lattice
```

```
## This is vegan 2.5-6
```

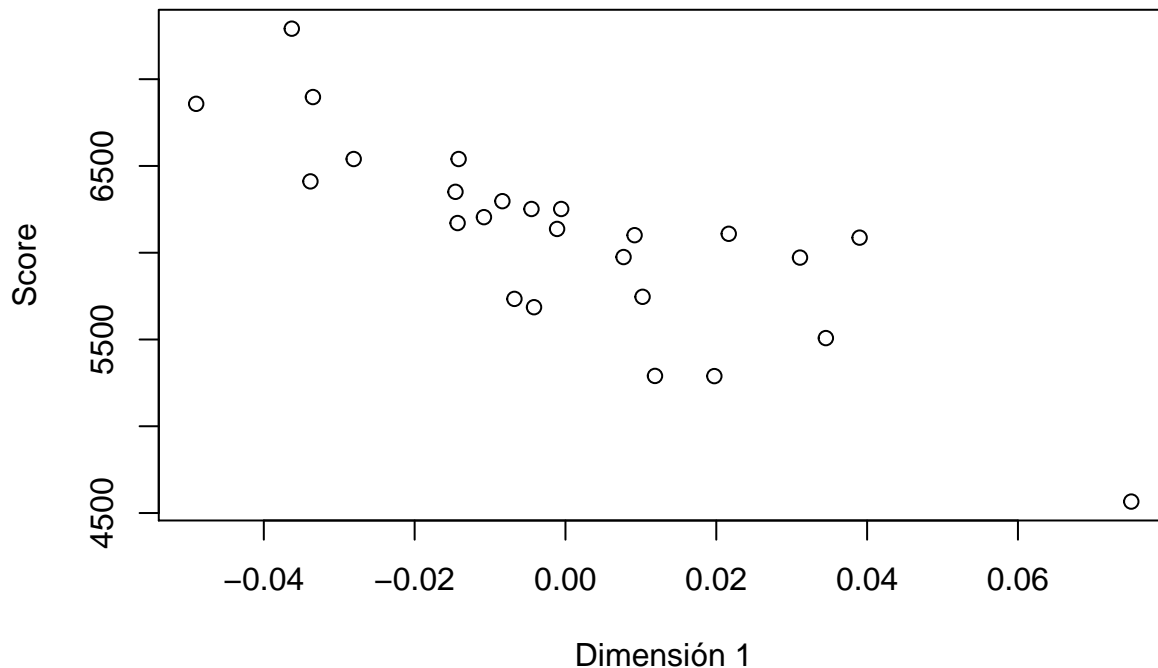
```
data <- read.table("heptlatlon (1)")
dis <- vegdist(data[-8])
iso <- isomap(dis, k = 4, ndim = 2)
plot(x = iso$points[,1], y = iso$points[,2], main="heptlatlon isomap")
text(x = iso$points[,1], y = iso$points[,2], labels=rownames(iso$points),
     cex=0.7, adj=c(0.5,1.4), xpd=NA)
```

heptlatlon isomap



Se comparan los datos proyectados en la primer dimensión obtenida mediante Isomap y se compara con el Score de las competidoras.

```
plot(x = iso$points[,1], y = data$score, xlab="Dimensión 1", ylab="Score")
```



Se realiza prueba de correlación para cuantificarla.

```
library("ggpubr")

## Loading required package: ggplot2
## Loading required package: magrittr
cor.test(iso$points[,1], data$score, method="spearman")

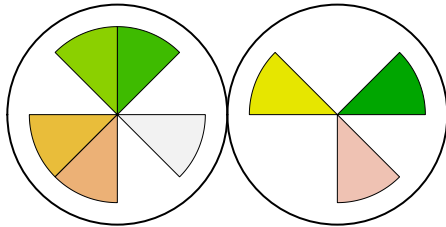
## Warning in cor.test.default(iso$points[, 1], data$score, method = "spearman"):
## Cannot compute exact p-value with ties
##
## Spearman's rank correlation rho
##
## data: iso$points[, 1] and data$score
## S = 4784.8, p-value = 1.474e-07
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##      rho
## -0.8403233
```

Se realiza una reducción de dimensionalidad mediante SOM a 2D y se grafica el resultado.

```
library(kohonen)

data_scale <- scale(data)
data_som <- som(as.matrix(data_scale), somgrid(2,1))
plot(data_som, type = "codes")
```

Codes plot



■ hurdles	■ longjump
■ highjump	■ javelin
■ shot	■ run800m
■ run200m	■ score

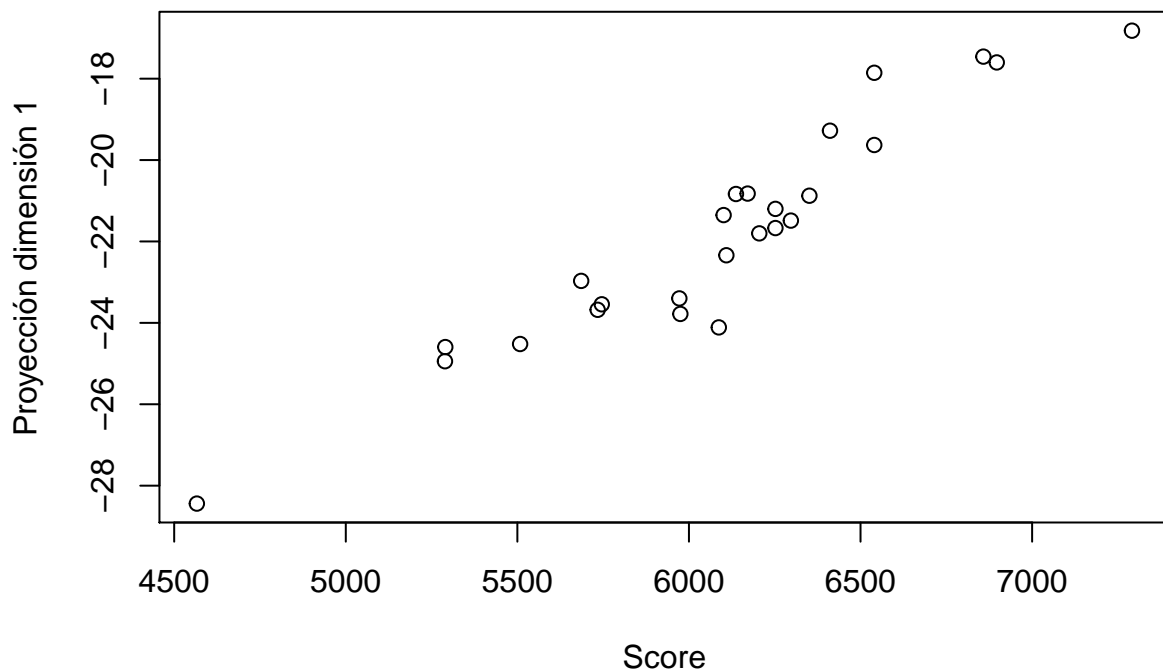
Se muestra la matriz de codes

```
data_som$codes[[1]]
```

```
##      hurdles  highjump      shot  run200m  longjump  javelin  run800m
## V1 -0.4219511  0.4615303  0.4095819 -0.4180149  0.4540731  0.2384487 -0.2546688
## V2  1.3070845 -1.3545738 -0.9839765  1.0844424 -1.3275753 -0.3863807  0.8566505
##      score
## V1  0.4937631
## V2 -1.3429906
```

Se comparan los datos proyectados en la dirección del primer renglón de la matriz de codes y se compara con el Score de las competidoras.

```
data_scale <- scale(data[-8])
data_m <- as.matrix(data[-8])
data_som <- som(as.matrix(data_scale), somgrid(2,1))
som_proj <- data_m %*% data_som$codes[[1]][1,]
plot(x = data$score, y = som_proj, xlab = "Score", ylab = "Proyección dimensión 1")
```



Se comparan las entradas del primer componente principal de PCA con el primer vector de la matriz de codes.

```
prin_comp <- prcomp(data[-8], scale = TRUE, center = TRUE)
plot(-data_som$codes[[1]][1,], type = "o", col="red", ylab="Value")
lines(prin_comp$rotation[,1], type = "o")
legend("topright", legend = c("SOM", "PCA"), col = c("red", "black"), lty = 1:2, cex = 0.8)
```

