PCA

Jimena Isaura Medina Padilla

29/03/2022

Análisis de componentes principales

Introducción

El análisis de componentes principales o tambien conocido como PCA es una técnica estadística la cual se encarga de describir un conjunto nde datos en términos de nuevas variables, por lo general es común que los componentes se encuentren ordenados por su varianza, es por eso que esta técnica resulta útil al momento de reducir la dimensión de nuestros datos.

Selección de los datos para realizar el ejemplo

1-. Se selecciona la base llamada *"flores"*, datos extraidos de la paqueteria *"datos"*

```
library(datos)
x <- (flores)
```

Exploracion de la matriz

1-. Dimensi?n de la matriz

```
dim(x)
```

```
## [1] 150   5
```

2-. Exploracion de las variables

```
str(x)
```

```
## 'data.frame':    150 obs. of  5 variables:
##  $ Largo.Sepalo: num  5.1 4.9 4.7 4.6 5 5.4 4.6 5 4.4 4.9 ...
##  $ Ancho.Sepalo: num  3.5 3 3.2 3.1 3.6 3.9 3.4 3.4 2.9 3.1 ...
##  $ Largo.Petalo: num  1.4 1.4 1.3 1.5 1.4 1.7 1.4 1.5 1.4 1.5 ...
##  $ Ancho.Petalo: num  0.2 0.2 0.2 0.2 0.2 0.4 0.3 0.2 0.2 0.1 ...
##  $ Especie     : Factor w/ 3 levels "setosa","versicolor",..: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

3-. Nombre de las variables

```
colnames(x)
```

```
## [1] "Largo.Sepalo" "Ancho.Sepalo" "Largo.Petalo" "Ancho.Petalo" "Especie"
```

4-.Se verifica que no existan datos perdidos

```
anyNA(x)
```

```
## [1] FALSE
```

Creación de un nuevo data frame solo con las variables cuantitativas

Se instala un paquete para la manipulación de dataframes

```
library(dplyr)
```

1-.Se crea un nuevo data frame

```
datos2 <- select(flores, Largo.Sepalo, Ancho.Sepalo, Largo.Petalo, Ancho.Petalo)
```

```
x<-as.data.frame(datos2)
```

Tratamiento de matriz

se genera una nueva matriz **x1** con los datos de solo una especie, en este caso la especie "Versicolor"..

1 Seleccion de las nuevas variables.

```
x1 <- x[51:100,1:4]
x1 <- x[51:100,1:4]
```

ACP paso a paso

1-Transformación de la nueva matriz a un data frame

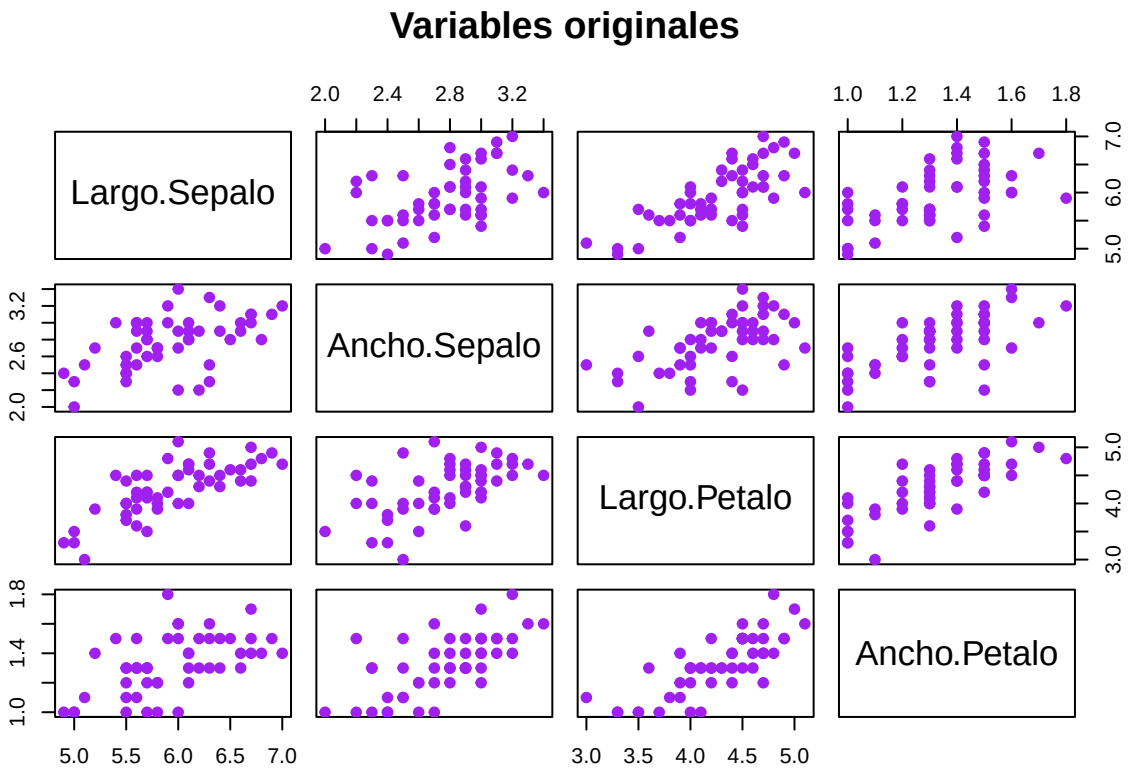
```
x1 <- as.data.frame(x1)
```

2- Definir n (individuos) y p (variables)

```
n<-dim(x)[1]
p<-dim(x)[2]
```

3- Generar grafico

```
pairs(x1,col="purple", pch=19,
      main="Variables originales")
```



4.- Obtención de la media por columna

```
mu<-colMeans(x1)
mu
```

```
## Largo.Sepalo Ancho.Sepalo Largo.Petalo Ancho.Petalo
##        5.936        2.770        4.260        1.326
```

5-. la matriz de covarianza muestral

```
s<-cov(x1)
s
```

```
##              Largo.Sepalo Ancho.Sepalo Largo.Petalo Ancho.Petalo
## Largo.Sepalo   0.26643265   0.08518367   0.18289796   0.05577959
## Ancho.Sepalo   0.08518367   0.09846939   0.08265306   0.04120408
## Largo.Petalo   0.18289796   0.08265306   0.22081633   0.07310204
## Ancho.Petalo   0.05577959   0.04120408   0.07310204   0.03910612
```

6-. Obtención de los *valores* y *vectores* propios desde la matriz de covarianza muestral

```
es<-eigen(s)
es
```

```
## eigen() decomposition
```

```
## $values
## [1] 0.487873944 0.072384096 0.054776085 0.009790365
##
## $vectors
##            [,1]       [,2]        [,3]       [,4]
## [1,] -0.6867238  0.6690891 -0.26508336  0.1022796
## [2,] -0.3053470 -0.5674653 -0.72961786 -0.2289194
## [3,] -0.6236631 -0.3433270  0.62716496 -0.3159668
## [4,] -0.2149837 -0.3353051  0.06366081  0.9150409
```

6.1-. Se separa la matriz de valores propios

```
eigen.val<-es$values
eigen.val
```

```
## [1] 0.487873944 0.072384096 0.054776085 0.009790365
```

6.2-. Separación de matrices de vectores propios

```
eigen.vec<-es$vectors
eigen.vec
```

```
##            [,1]       [,2]        [,3]       [,4]
## [1,] -0.6867238  0.6690891 -0.26508336  0.1022796
## [2,] -0.3053470 -0.5674653 -0.72961786 -0.2289194
## [3,] -0.6236631 -0.3433270  0.62716496 -0.3159668
## [4,] -0.2149837 -0.3353051  0.06366081  0.9150409
```

7- Calcular la proporción de la variabilidad

7.1- Para la matriz de valores propios

```
pro.var<-eigen.val/sum(eigen.val)
pro.var
```

```
## [1] 0.78081758 0.11584709 0.08766635 0.01566898
```

7.2- Variabilidad acumulada

```
pro.var.acum<-cumsum(eigen.val)/sum(eigen.val)
pro.var.acum
```

```
## [1] 0.7808176 0.8966647 0.9843310 1.0000000
```

8-. Obtención de la matriz de correlaciones

```
R<-cor(x1)
R
```

```
##              Largo.Sepalo Ancho.Sepalo Largo.Petalo Ancho.Petalo
## Largo.Sepalo    1.0000000    0.5259107    0.7540490    0.5464611
## Ancho.Sepalo    0.5259107    1.0000000    0.5605221    0.6639987
## Largo.Petalo    0.7540490    0.5605221    1.0000000    0.7866681
## Ancho.Petalo    0.5464611    0.6639987    0.7866681    1.0000000
```

9-. Obtencion de los valores y vectores propios a partir de la **matriz de correlaciones**

```
eR<-eigen(R)
eR
```

```
## eigen() decomposition
## $values
## [1] 2.9263407 0.5462747 0.3949976 0.1323871
##
## $vectors
##            [,1]       [,2]       [,3]       [,4]
## [1,] -0.4823284  0.6107980 -0.4906296  0.3918772
## [2,] -0.4648460 -0.6727830 -0.5399025 -0.1994658
## [3,] -0.5345136  0.3068495  0.3402185 -0.7102042
## [4,] -0.5153375 -0.2830765  0.5933290  0.5497778
```

10-. Separación de la matriz de valores propios

```
eigen.val.R<-eR$values
eigen.val.R
```

```
## [1] 2.9263407 0.5462747 0.3949976 0.1323871
```

10.2- Separación de matrices de vectores propios

```
eigen.vec.R<-eR$vectors
eigen.vec.R
```

```
##            [,1]       [,2]       [,3]       [,4]
## [1,] -0.4823284  0.6107980 -0.4906296  0.3918772
## [2,] -0.4648460 -0.6727830 -0.5399025 -0.1994658
## [3,] -0.5345136  0.3068495  0.3402185 -0.7102042
## [4,] -0.5153375 -0.2830765  0.5933290  0.5497778
```

11- Cálculo de la proporción de variabilidad

11.1- Para la matriz de valores propios

```
pro.var.R<-eigen.val/sum(eigen.val)
pro.var.R
```

```
## [1] 0.78081758 0.11584709 0.08766635 0.01566898
```

11.2- Acumulada

```
pro.var.acum.R<-cumsum(eigen.val)/sum(eigen.val)
pro.var.acum.R
```

```
## [1] 0.7808176 0.8966647 0.9843310 1.0000000
```

Una vez observados los valores anteriores, podemos seleccionar los primeros 2 valores, ya que cumplen con el criterio del 80%

12-. Calcular la media de los valores propios

```
mean(eigen.val.R)
```

```
## [1] 1
```

##Obtención de coeficientes 13-. Centrar los datos con respecto a la media

13.1 Construcción de la matriz centrada

```
ones<-matrix(rep(1,n),nrow=n, ncol=1)
```

13.2 Construcción de la matriz centrada

```
X.cen<-as.matrix(x1-ones%*%mu)
```

14-.Construcción de la matriz diagonal de las covarianzas.

```
Dx<-diag(diag(s))
Dx
```

```
##           [,1]       [,2]      [,3]       [,4]
## [1,] 0.2664327 0.00000000 0.0000000 0.00000000
## [2,] 0.0000000 0.09846939 0.0000000 0.00000000
## [3,] 0.0000000 0.00000000 0.2208163 0.00000000
## [4,] 0.0000000 0.00000000 0.0000000 0.03910612
```

15-. Construcción de la matriz centrada multiplicada por Dx^1/2

```
Y<-X.cen%*%solve(Dx)^(1/2)
```

16-. Conatrucción de los coeficientes o scores eigen.vec.R

```
scores<-Y%*%eigen.vec.R
scores[1:10]
```

```
##  [1]  8.034844  8.562404  7.788330 11.826546  8.947754 10.330243  8.019619
##  [8] 13.817098  9.227369 11.367486
```

17-. Se nombran las columnas

```
colnames(scores)<-c("PC1","PC2","PC3","PC4")
```

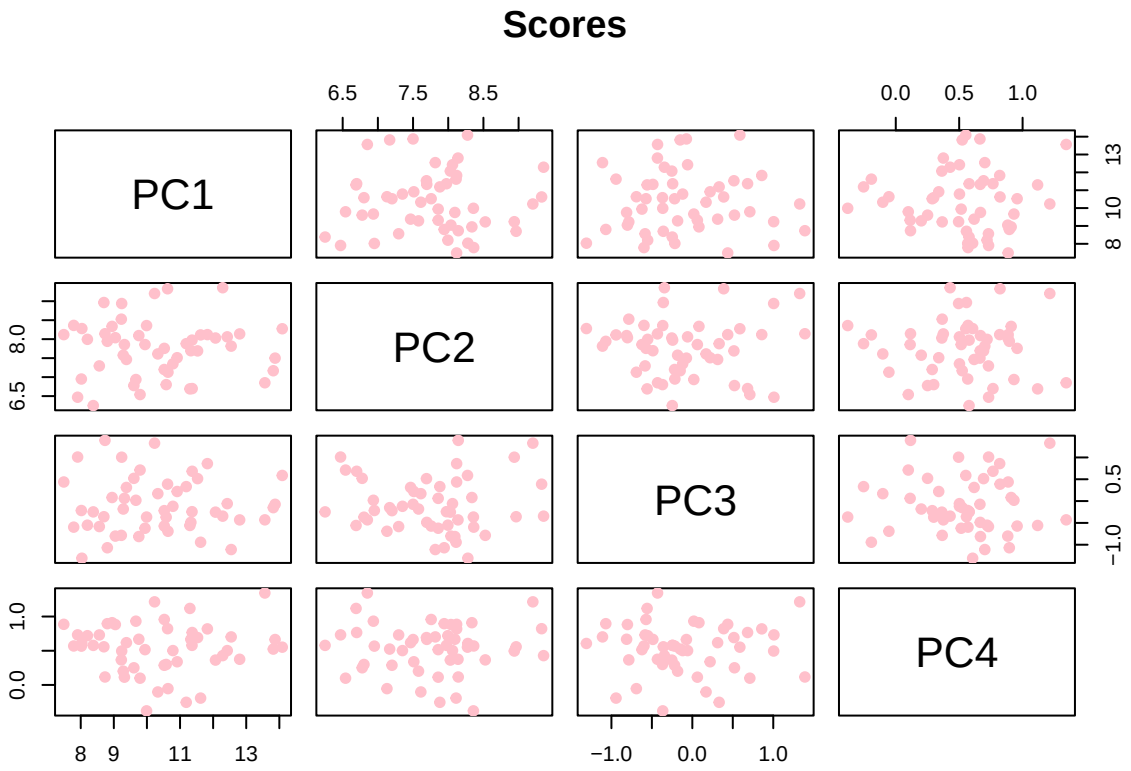
18-. Visualización de los scores

```
scores[1:10]
```

```
##  [1]  8.034844  8.562404  7.788330 11.826546  8.947754 10.330243  8.019619
##  [8] 13.817098  9.227369 11.367486
```

19-. Gráfico de los scores

```
pairs(scores, main = "Scores", col = "pink", pch = 19 )
```



Vía sintetizada

En este apartado se presenta la via rápida para la visualización de los componentes principales y el screeplot.

1-. Aplicar el cálculo de la varianza a las columnas *1=filas, 2=columnas*

```
apply(x, 2, var)
```

```
## Largo.Sepalo Ancho.Sepalo Largo.Petalo Ancho.Petalo
##    0.6856935    0.1899794    3.1162779    0.5810063
```

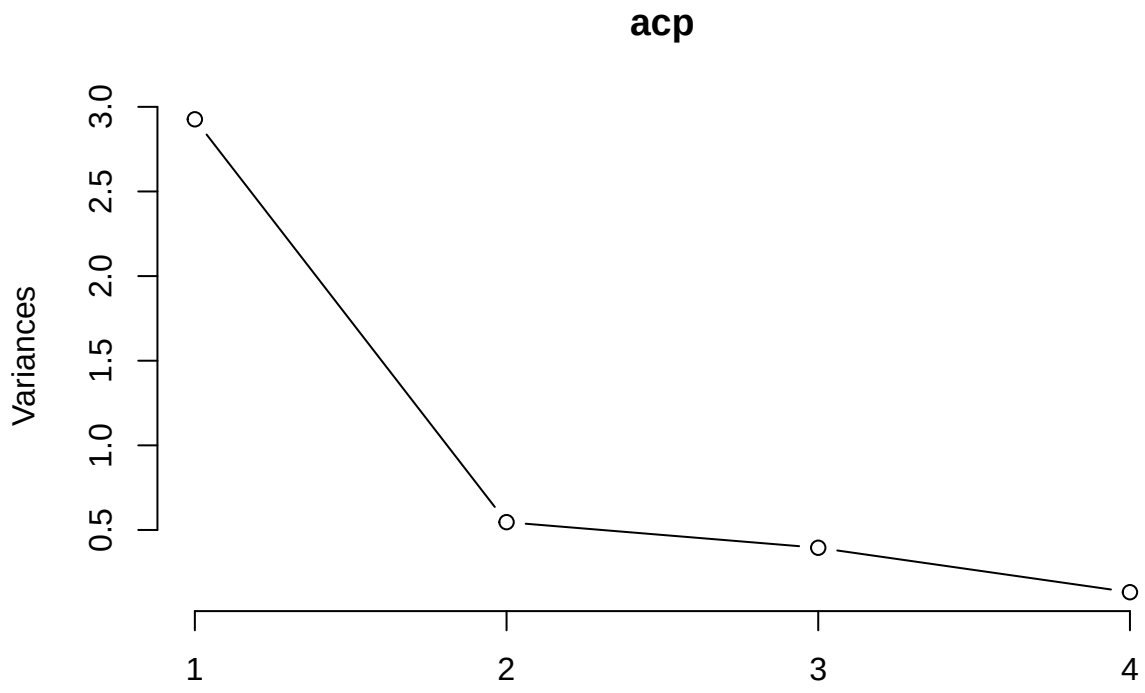
2-. Centrado por la media y escalada por la desviación estandar (dividir entre sd).

```r
acp<-prcomp(x1, center=TRUE, scale=TRUE)
acp
```

```
## Standard deviations (1, .., p=4):
## [1] 1.7106550 0.7391040 0.6284883 0.3638504
##
## Rotation (n x k) = (4 x 4):
##                      PC1        PC2        PC3        PC4
## Largo.Sepalo -0.4823284 -0.6107980  0.4906296  0.3918772
## Ancho.Sepalo -0.4648460  0.6727830  0.5399025 -0.1994658
## Largo.Petalo -0.5345136 -0.3068495 -0.3402185 -0.7102042
## Ancho.Petalo -0.5153375  0.2830765 -0.5933290  0.5497778
```

3- Generación del gráfico screeplot

```r
plot(acp, type="l")
```



En el gráfico se muetra como solo toma un componente principal.