

Dendrograma

Maisy Samai Vázquez Sánchez

2022-05-29

Librerías

```
library(cluster.datasets)
```

Base de datos

```
data("all.mammals.milk.1956")  
AMM=all.mammals.milk.1956
```

La base de datos “**all.mammals.milk.1956**”, contiene información sobre la leche de diferentes especies de animales.

Exploración de la base de datos

Dimensión

```
dim(AMM)
```

```
## [1] 25  6
```

La base cuenta con 25 observaciones y 6 variables

Datos faltantes

```
anyNA(AMM)
```

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

No hay valores faltantes por lo que se puede proseguir con el dendrograma

Tipo de variables

```
str(AMM)
```

```
## 'data.frame': 25 obs. of 6 variables:
## $ name : chr "Horse" "Orangutan" "Monkey" "Donkey" ...
## $ water : num 90.1 88.5 88.4 90.3 90.4 87.7 86.9 82.1 81.9 81.6 ...
## $ protein: num 2.6 1.4 2.2 1.7 0.6 3.5 4.8 5.9 7.4 10.1 ...
## $ fat : num 1 3.5 2.7 1.4 4.5 3.4 1.7 7.9 7.2 6.3 ...
## $ lactose: num 6.9 6 6.4 6.2 4.4 4.8 5.7 4.7 2.7 4.4 ...
## $ ash : num 0.35 0.24 0.18 0.4 0.1 0.71 0.9 0.78 0.85 0.75 ...
```

La base esta conformada por 5 variables numéricas y una de tipo carácter la cual contiene registrado el nombre de los animales y en las numéricas está la cantidad de proteína, nivel de agua, grasa, lactosa y los minerales de la leche.

Cálculo de la matriz de distancias de Mahalanobis

```
dist.AMM<-dist(AMM[,2:6])
```

Se calcula la distancia de Mahalanobis para las variables que comprende de la 2 a la 6, las cuales resultan ser variables numéricas.

Con la distancia de Mahalanobis podemos calcular la similitud que existe entre las variables teniendo en cuenta la correlación que hay entre ellas.

Redondeo

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

```
##      1      2      3      4      5      6
## 1 0.000 3.327 2.494 1.226 4.759 4.107
## 2 3.327 0.000 1.206 2.794 2.798 2.592
## 3 2.494 1.206 0.000 2.375 3.716 2.348
## 4 1.226 2.794 2.375 0.000 3.763 4.007
## 5 4.759 2.798 3.716 3.763 0.000 4.176
## 6 4.107 2.592 2.348 4.007 4.176 0.000
```

Se redondean de los valores de la distancia de Mahalanobis y se convierten a una matriz. Al proyectar indicamos que solo usaremos a los primeros 6 individuos así que se especifica la selección de las 6 filas y 6 columnas pertenecientes a estos individuos.

Calculo del dendrograma

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

Se calcula el Dendrograma para nuestras observaciones, se utilizará el método de agrupación por Clústers “**hclust**”, el cual es una agrupación jerárquica.

Graficación del dendrograma

Creamos un vector para las etiquetas que le asignaremos al Dendrograma.

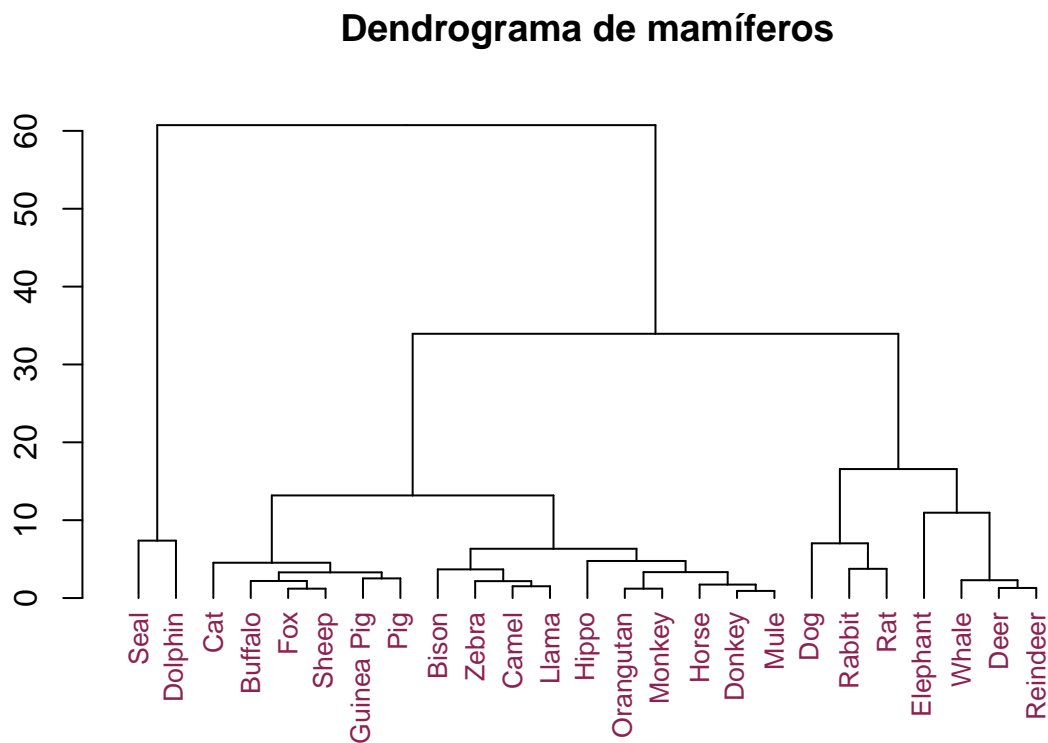
```
library(dendextend)
```

```
L=labels(dend.AMM)
```

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

Personalizamos nuestro dendrograma.

```
dend.AMM %>%  
  set(what="labels_col", "#8B2252") %>%  
  set(what="labels_cex", 0.8) %>%  
  plot(main="Dendrograma de mamíferos")
```



Podemos ver que esta dividido en dos grupos. En el primer grupo se encuentran la leche de las especies de foca y delfin son diferentes de el segundo grupo el cual esta sub-dividido en dos grupos más y dos mas para estos grupos que a su vez contienen más.

Lo interesante es ver que el gráfico muestra dos grupos en los que se pueden separara la leche de estos animales.