Clusters

Briseyda Amancaya
María Anciones Polo
Laura Gil García
José Miguel Hernández Cabrera

Introducción

En este documento realizaremos un análisis de conglomerados o cluster. ## Paquetes

Los paquetes utilizados para realizar este análisis de clúster son `stats` y `cluster`. Además, utilizaremos las funciones `stats::hclust()`, `stats:dist()` y `cluster::diana()` para el análisis y los paquetes `factoextra` y `ggplot2` para la visualización de los grupos formados.

Descripción de datos

En primer lugar, importamos los datos teniendo en cuenta que hay que adaptar el directorio donde se encuentran los datos, en cuyo caso se encuentran en la carpeta `data/`.

```
paises = foreign::read.spss("data/PaisesProteinas.sav", to.data.frame = TRUE)
```

Posteriormente, podemos hacer una descriptiva básica de las distintas variables que componen la base de datos mediante la función `summary()`.

```
summary(paises)
```

```
##              Pais      CarneRoja       CarneBlanca         Huevos
##  Albania       : 1   Min.   : 4.400   Min.   : 1.400   Min.   :0.500
##  Alemania Occ. : 1   1st Qu.: 7.800   1st Qu.: 4.900   1st Qu.:2.700
##  Alemania Or.  : 1   Median : 9.500   Median : 7.800   Median :2.900
##  Austria       : 1   Mean   : 9.828   Mean   : 7.896   Mean   :2.936
##  Bélgica       : 1   3rd Qu.:10.600   3rd Qu.:10.800   3rd Qu.:3.700
##  Bulgaria      : 1   Max.   :18.000   Max.   :14.000   Max.   :4.700
##  (Other)       :19
##      Leche           Pescado          Cereales        Feculas
##  Min.   : 4.90   Min.   : 0.200   Min.   :18.60   Min.   :0.600
##  1st Qu.:11.10   1st Qu.: 2.100   1st Qu.:24.30   1st Qu.:3.100
##  Median :17.60   Median : 3.400   Median :28.00   Median :4.700
##  Mean   :17.11   Mean   : 4.284   Mean   :32.25   Mean   :4.276
##  3rd Qu.:23.30   3rd Qu.: 5.800   3rd Qu.:40.10   3rd Qu.:5.700
##  Max.   :33.70   Max.   :14.200   Max.   :56.70   Max.   :6.500
##
##   FrutosSecos    FrutosyVegetales
##  Min.   :0.700   Min.   :1.400
##  1st Qu.:1.500   1st Qu.:2.900
##  Median :2.400   Median :3.800
##  Mean   :3.072   Mean   :4.136
##  3rd Qu.:4.700   3rd Qu.:4.900
##  Max.   :7.800   Max.   :7.900
##
```

Seleccionamos la variable de `paises` para empezar el análisis. Como los métodos cluster son muy sensibles al hecho de que las variables no estén todas medidas en las mismas unidades, es necesario escalar las variables numéricas para que todas las variables tengan la misma importancia en el análisis.

La escala hace que todas las variables tengan media `0` y varianza `1`. Esto se realiza para evitar que el algoritmo de agrupamiento dependa de una unidad variable arbitraria.

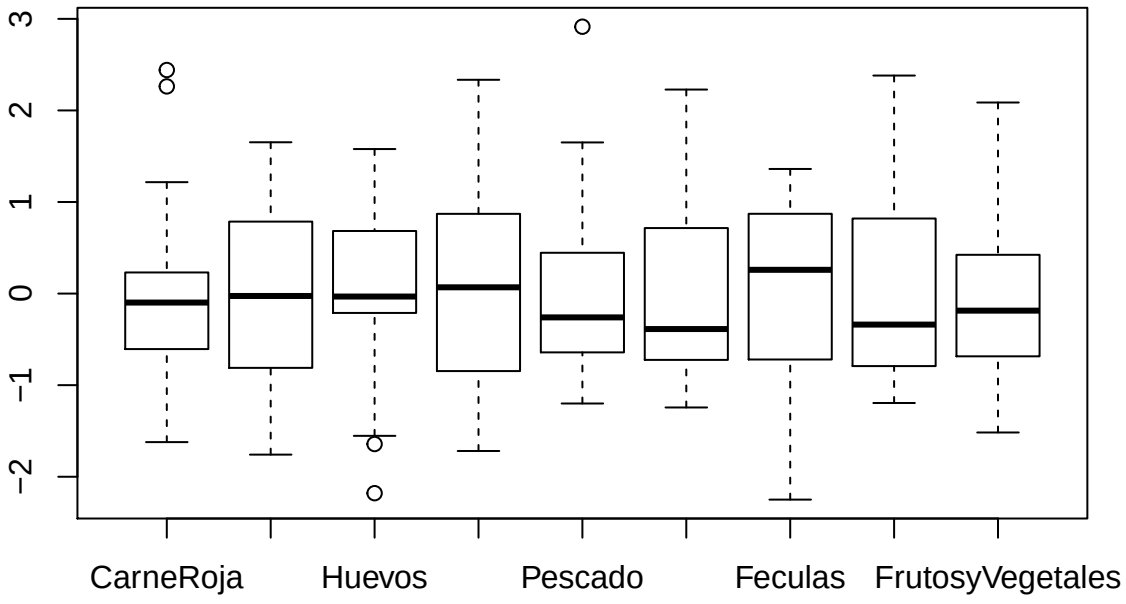
```
# Selección de variables numéricas
var.paises = paises[, 2:ncol(paises)]

# Crear matriz de estandarización
p.esc = scale(var.paises)

# Nombrar las filas con los nombres de los países
rownames(p.esc) = paises[, 1]

# Ver las primeras 6 observaciones
head(p.esc)
```

```
##                  CarneRoja CarneBlanca     Huevos       Leche     Pescado
## Albania         0.08126490  -1.7584889 -2.1796385 -1.15573814 -1.20028213
## Austria        -0.27725673   1.6523731  1.2204544  0.39237676 -0.64187467
## Bélgica         1.09707621   0.3800675  1.0415022  0.05460623  0.06348211
## Bulgaria       -0.60590157  -0.5132535 -1.1954011 -1.24018077 -0.90638347
## Checoslovaquia -0.03824231   0.9485445 -0.1216875 -0.64908235 -0.67126454
## Dinamarca       0.23064892   0.7861225  0.6835976  1.11013912  1.65053488
##                   Cereales    Feculas FrutosSecos FrutosyVegetales
## Albania         0.9159176 -2.2495772   1.2227536      -1.35040507
## Austria        -0.3870690 -0.4136872  -0.8923886       0.09091397
## Bélgica        -0.5146342  0.8714358  -0.4895043      -0.07539207
## Bulgaria        2.2280161 -1.9435955   0.3162641       0.03547862
## Checoslovaquia  0.1869740  0.4430614  -0.9931096      -0.07539207
## Dinamarca      -0.9428885  0.3206688  -1.1945517      -0.96235764
```

Detección de atípicos

La siguiente fase consiste en detectar si existen observaciones aberrantes o atípicas que puedan influir en el modelo.

```
boxplot(p.esc)
```



El boxplot detecta dos países con alto consumo de carne roja y uno de pescado, así como dos de bajo consumo de huevo. Para saber cuáles, utilizamos el método Tukey para detectar los atípicos, el cual consiste en:

$$[Q_1 - k(Q_3 - Q_1), Q_3 + k(Q_3 - Q_1)]$$

Para detectar de cuáles países se tratan creamos la función `detec_atip()`:

```
detec_atip = function(x) {
  resultado = list()

  # Rangos de los Q1 y Q3
  ran.int = function(x) quantile(x, c(0.25, 0.75))

  # Detección usando el método de Tukey
  inferior = function(x) ran.int(x)[1] - (1.5 * IQR(x))
  superior = function(x) ran.int(x)[2] + (1.5 * IQR(x))

  # Escribir resultados en la lista creada
  resultado$ext.inferior = subset(x, x < inferior(x))
  resultado$ext.superior = subset(x, x > superior(x))

  return(resultado)
}

unlist(apply(p.esc, 2, detec_atip))
```

```
## CarneRoja.ext.superior.Francia
##                              2.441532
## CarneRoja.ext.superior.Reino Unido
##                              2.262272
##    Huevos.ext.inferior.Albania
##                             -2.179639
##    Huevos.ext.inferior.Portugal
##                             -1.642782
##   Pescado.ext.superior.Portugal
##                              2.914299
```

La función nos dice que `Francia` y el `Reino Unido` tienen un consumo alto atípico de carne roja. En el mismo sentido, `Portugal` consuma más pescado de lo normal. Por otra parte, `Portugal` y `Albania` consumen mucho menos huevo que el resto de los 23 países considerados.

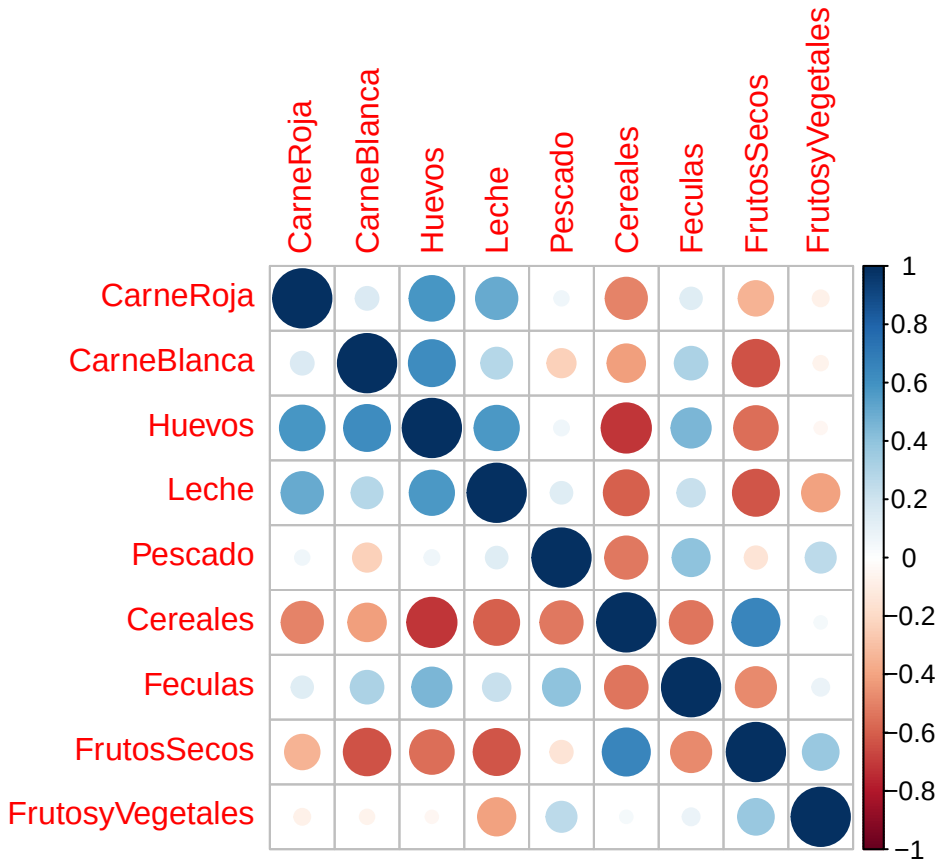
Generalmente, se recomienda hacer el análisis considerando a los atípicos y sin ellos o realizar un tratamiento de atípicos. No obstante, también es necesario notar que los datos en realidad pueden corresponder a una realidad que va más allá de lo que pueda explicar el modelo.

Para efectos del ejercicio, dejamos esas observaciones sin modificaciones.

Colinealidad

Para tener una correcta interpretación de los grupos formados, debemos asegurarnos que no haya colinealidad. En caso contrario, se puede optar por eliminarla o utilizar distancias que amortigüen la colinealidad.

```
corrplot::corrplot(cor(p.esc))
```



Podemos observar que `Cereales` y `FrutosSecos` están inversamente correlacionados con todas las demás variables. A su vez, `Huevos` y `Leche` tienen una relación lineal positiva con con `CarneRoja` y `CarneBlanca`.

Dado que el modelo de clusters requiere que no exista colinealidad, probablemente sea necesaria una reducción de dimensiones o eliminar las variables con alta correlación. No obstante, para efectos del ejercicio, procederemos con los datos completos para mostrar cómo se comportan los objetos.

Distancias

Hay diferentes tipos de distancias con sus propiedades particulares pero las más habituales son las siguientes:

Distancia euclidia: es la medida de similaridad más utilizada frecuentemente. Se trata de la distancia más corta entre dos puntos.

$$d_{euc}(x,y) = \sqrt{\sum_{i=1}^{n}(x_i - y_i)^2}$$

Distancia de Manhattan:

$$d_{man}(x,y) = \sum_{i=1}^{n}|(x_i - y_i)|$$

Utilizamos la distancia euclidia

```
d.euc = dist(p.esc, method = "euclidean")
```

Clasificación jerárquica

Descripción

El análisis de cluster jerárquico se utiliza tanto para variables cuantitativas como para variables cualitativas. También se emplea si no se conoce el número de cluster o cuando el número de objetos no es muy grande.

Puede subdividirse en **aglomerativos** (fases sucesivas de fusiones de los n individuos) y en **divisivos** (particionan los n individuos).

Métodos de aglomeración

Hay diferentes métodos jerárquicos aglomerativos para el análisis de cluster:

Ward: no calcula distancias entre cluster pero forma un cluster que maximiza la homogeneidad intra cluster.

Método del vecino más próximo: la distancia entre grupos se caracteriza por la del par de individuos que está más cercano (un individuo de cada grupo).

Método del vecino más lejano: la distancia entre grupos es la mayor distancia entre pares de individuos (uno de cada grupo).

Grupo promedio o UPGMA: la distancia se calcula como la media entre todos los pares de individuos de cada grupo.

```
metodos = c("ward.D2",  # Ward
            "single",   # Vecinos más próximos
            "complete", # Vecinos más lejanos
            "average")  # Grupo promedio o UPGMA
names(metodos) = metodos

met.agl = lapply(metodos, function(x) hclust(d.euc, method = x))
```

Utilizamos el **coeficiente de aglomeración**, para saber cuál método se ajusta mejor:

```
coe_agl = sapply(met.agl, cluster::coef.hclust)
coe_agl = round(coe_agl, digits = 2)
coe_agl
```

```
##  ward.D2   single complete  average
##     0.83     0.36     0.70     0.59
```

Podemos observar que de todos los métodos, el de Ward se ajusta más adecuadamente.

Visualización con dendrogramas

Los resultados del método jerárquico se representa gráficamente mediante un dendrograma, donde se indican las fusiones o divisiones producidas en las fases sucesivas del análisis.

```
library(ggplot2)
library(factoextra)
```

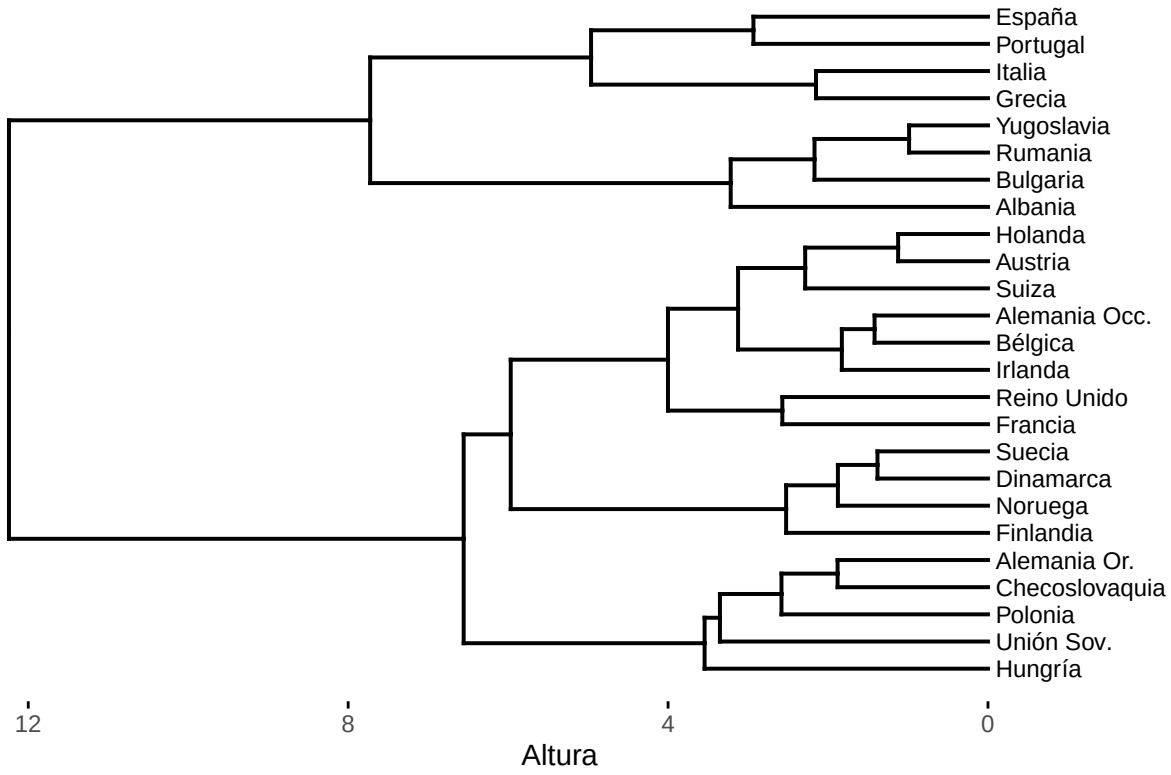
```
## Welcome! Related Books: `Practical Guide To Cluster Analysis in R` at https://goo.gl/13EFCZ
```

```
ttl.met = c(
  "Método de Ward",
  "Vecino más próximo",
  "Vecino más Lejano",
  "Grupo promedio"
)
```

```
coe.met = c(paste("Coef. aglo.:", coe_agl), "", "")

dendros = function(x, ttl, stl) {
  graf = fviz_dend(
    x,
    horiz = T,
    main = ttl,
    sub = stl,
    xlab = "",
    ylab = "Altura",
    cex = 0.6
  )
  return(graf)
}


lapply(1:4, function(x) {
  dendros(met.agl[[x]], ttl = ttl.met[x], stl = coe.met[x])
})
```

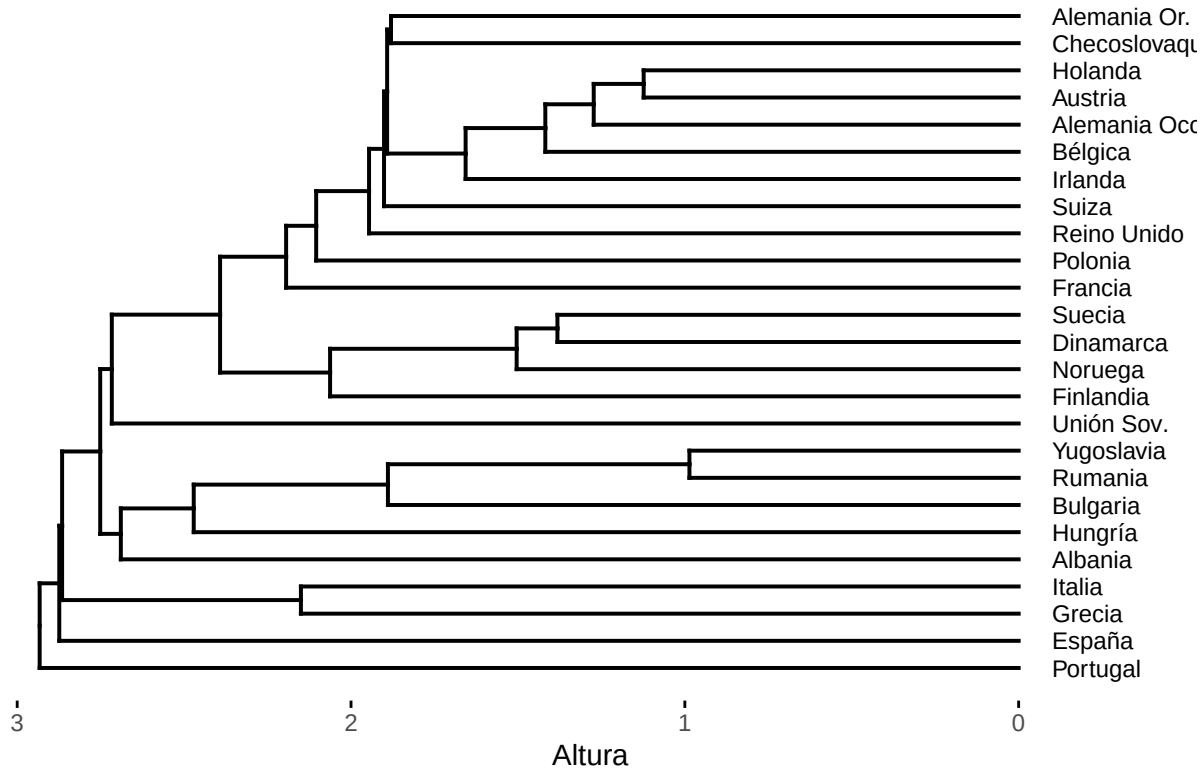
```
## [[1]]
```

Método de Ward



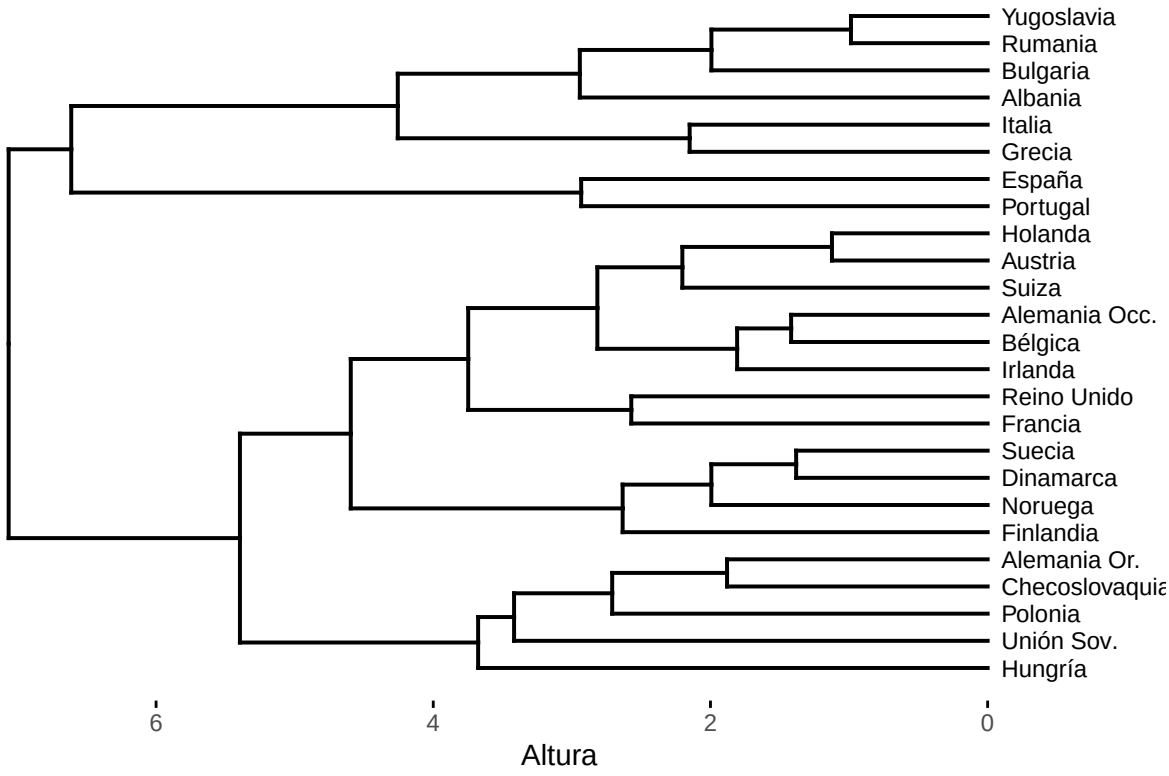

```
##
## [[2]]
```

Vecino más próximo



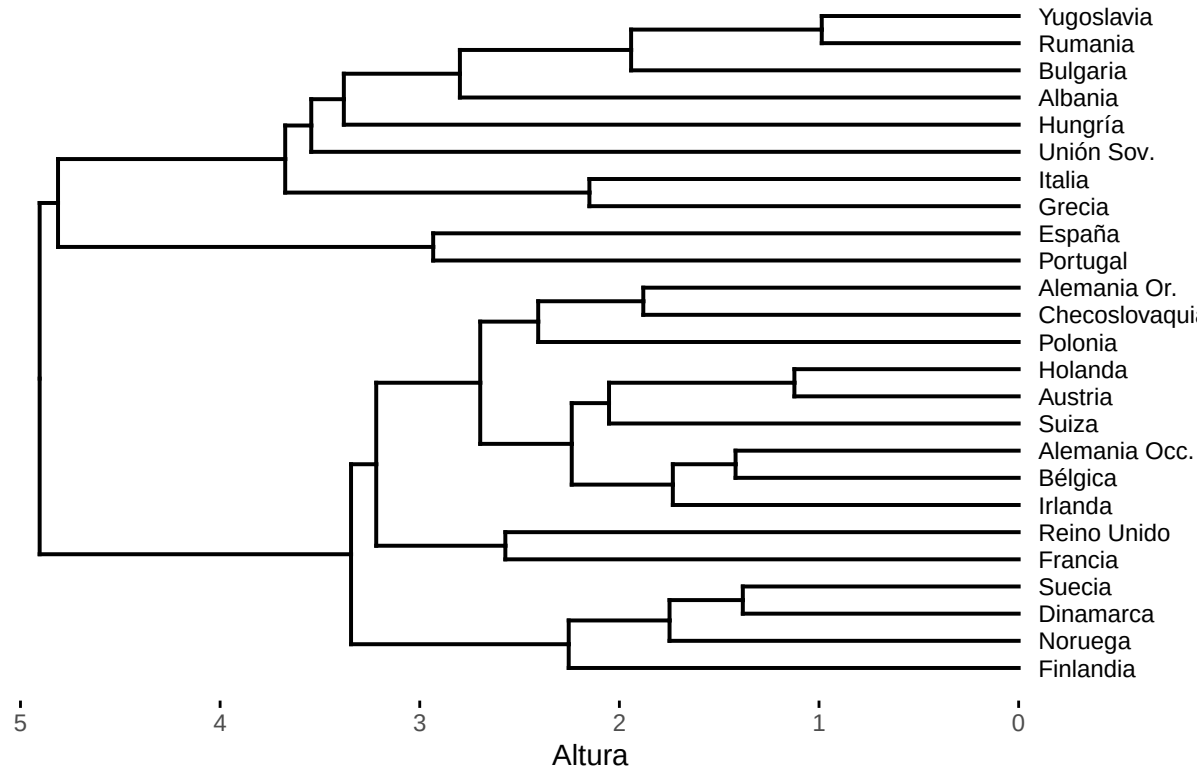

```
##
## [[3]]
```

Vecino más Lejano




```
##
## [[4]]
```

Grupo promedio



Método por disimilitud

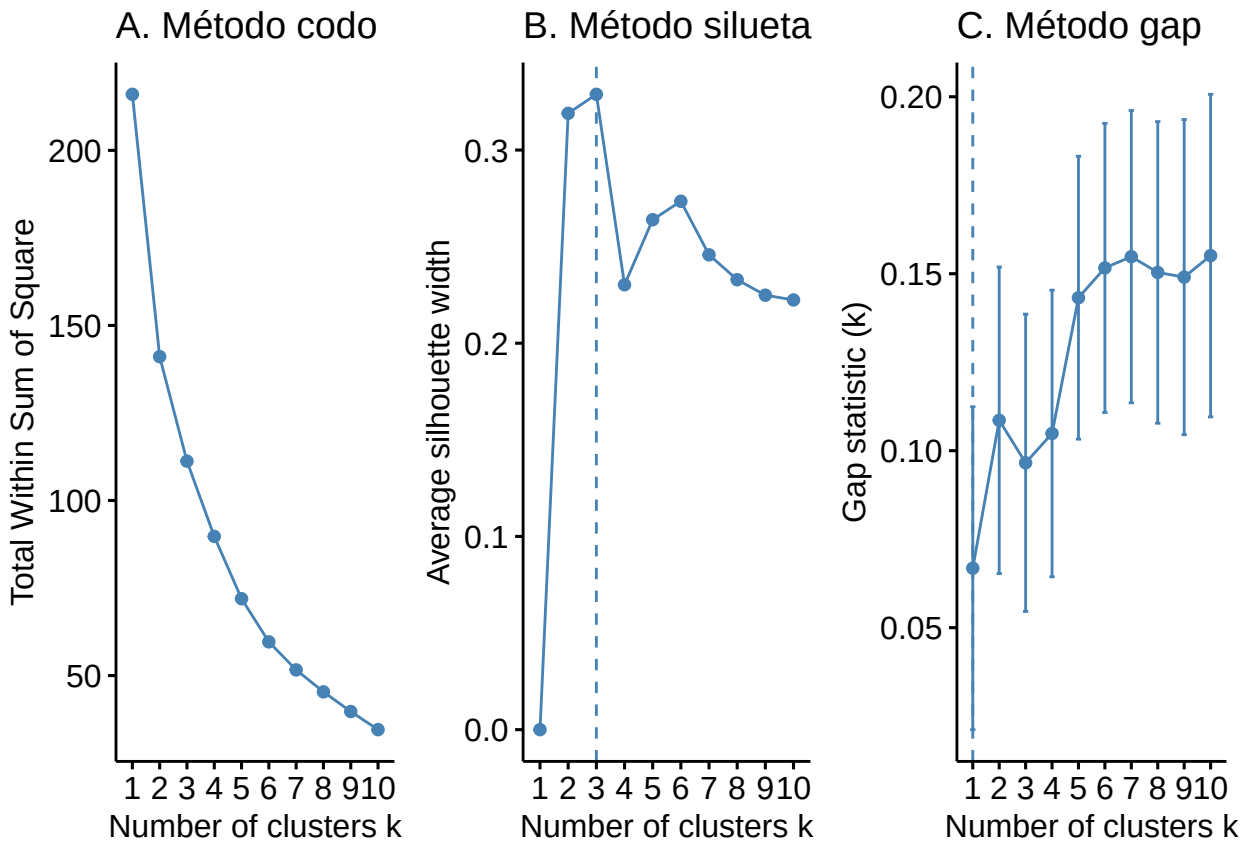
Disimilitud

```
library(cluster)

met.dis = diana(d.euc)

# Coeficiente de disimilitud
met.dis$dc
```

```
## [1] 0.6931511
```

Número óptimo de clusters

```
g1 = fviz_nbclust(p.esc, FUN = hcut, method = "wss", k.max = 10) +
  ggtitle("A. Método codo")
g2 = fviz_nbclust(p.esc, FUN = hcut, method = "silhouette", k.max = 10) +
  ggtitle("B. Método silueta")
g3 = fviz_nbclust(p.esc, FUN = hcut, method = "gap_stat", k.max = 10) +
  ggtitle("C. Método gap")
gridExtra::grid.arrange(g1, g2, g3, nrow = 1)
```



Coeficientes para método codo

```
g1$data
```

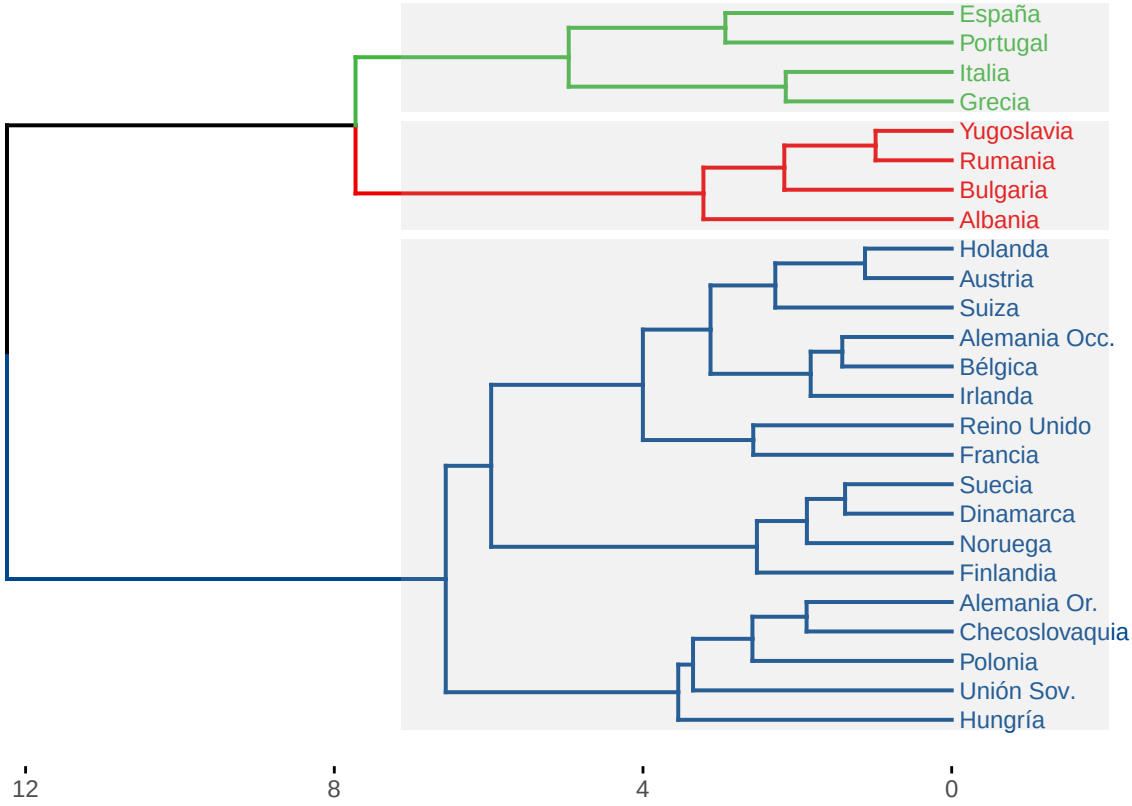
```
##    clusters         y
## 1         1 216.00000
## 2         2 141.07582
## 3         3 111.23811
## 4         4  89.74770
## 5         5  71.94342
## 6         6  59.62964
## 7         7  51.62400
## 8         8  45.34612
## 9         9  39.73011
## 10       10  34.55615
```

Visualización de grupos

Usamos 3 grupos, con distancia euclídea y algoritmo de Ward.

```
fviz_dend(
  met.agl$ward.D2,
  horiz = TRUE,
  k = 3,
  rect = TRUE,
  rect_fill = TRUE,
  k_colors = "lancet",
  cex = 0.6,
```

```
  ylab = "Altura"
) +
  theme(title = element_blank())
```



Variables que más influyen

```
grupos = cutree(met.agl$ward.D2, k = 3)

aggregate(p.esc, by = list(Cluster = grupos), mean)
```

```
##   Cluster  CarneRoja CarneBlanca    Huevos      Leche     Pescado
## 1       1 -0.8075700  -0.8719354 -1.553306 -1.0783324 -1.03863787
## 2       2  0.3097346   0.4660556  0.462539  0.4494997  0.01334646
## 3       3 -0.5088020  -1.1088009 -0.412485 -0.8320414  0.98191543
##     Cereales    Feculas FrutosSecos FrutosyVegetales
## 1  1.7200335 -1.4234267   0.9961313       -0.6436044
## 2 -0.4353080  0.3782653  -0.5428273       -0.2319154
## 3  0.1300253 -0.1842010   1.3108846        1.6292449
```

ANOVA de los grupos por cada variable

```
paises_clust = data.frame(p.esc, grupos)
ANOVA = aov(grupos ~ ., data = paises_clust)

summary(ANOVA)
```

```
##                 Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
## CarneRoja        1 0.0595  0.0595   0.716 0.410786
## CarneBlanca      1 0.0545  0.0545   0.656 0.430718
```

```
## Huevos            1 2.2668  2.2668  27.271 0.000103 ***
## Leche             1 0.1385  0.1385   1.667 0.216241
## Pescado           1 1.7290  1.7290  20.801 0.000375 ***
## Cereales          1 0.0520  0.0520   0.625 0.441428
## Feculas           1 0.0019  0.0019   0.023 0.881224
## FrutosSecos       1 0.8351  0.8351  10.047 0.006345 **
## FrutosyVegetales  1 1.6157  1.6157  19.437 0.000508 ***
## Residuals        15 1.2468  0.0831
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

K-medias

Descripción

Conocemos *a priori* el número de clusters

Obtención de k-medias

```
k.medias = kmeans(p.esc, centers = 3, nstart = 25)

k.medias$centers
```

```
##    CarneRoja CarneBlanca     Huevos      Leche    Pescado   Cereales
## 1 -0.5088020  -1.1088009 -0.4124850 -0.8320414  0.9819154  0.1300253
## 2 -0.7901419  -0.5267887 -1.1655757 -0.9047559 -0.9504683  1.4383272
## 3  0.4517373   0.5063957  0.5762263  0.5837801  0.1183432 -0.6100043
##      Feculas FrutosSecos FrutosyVegetales
## 1 -0.1842010   1.3108846        1.6292449
## 2 -0.7604664   0.8870168       -0.5373533
## 3  0.3533068  -0.7043759       -0.2195240
```

```
k.medias$size
```

```
## [1]  4  6 15
```

Exploración de clusters

```
# Promedio de k-medias con respecto a los datos
pmd.p.km = aggregate(p.esc, by = list(Cluster = k.medias$cluster), mean)

pmd.p.km
```

```
##   Cluster  CarneRoja CarneBlanca     Huevos      Leche    Pescado
## 1       1 -0.5088020  -1.1088009 -0.4124850 -0.8320414  0.9819154
## 2       2 -0.7901419  -0.5267887 -1.1655757 -0.9047559 -0.9504683
## 3       3  0.4517373   0.5063957  0.5762263  0.5837801  0.1183432
##     Cereales    Feculas FrutosSecos FrutosyVegetales
## 1  0.1300253 -0.1842010   1.3108846        1.6292449
## 2  1.4383272 -0.7604664   0.8870168       -0.5373533
## 3 -0.6100043  0.3533068  -0.7043759       -0.2195240
```

Análisis de la varianza de clusters respecto a las variables.

```
paises.km = data.frame(p.esc, Cluster = k.medias$cluster)

sapply(colnames(paises.km)[1:9], function(x) {
```

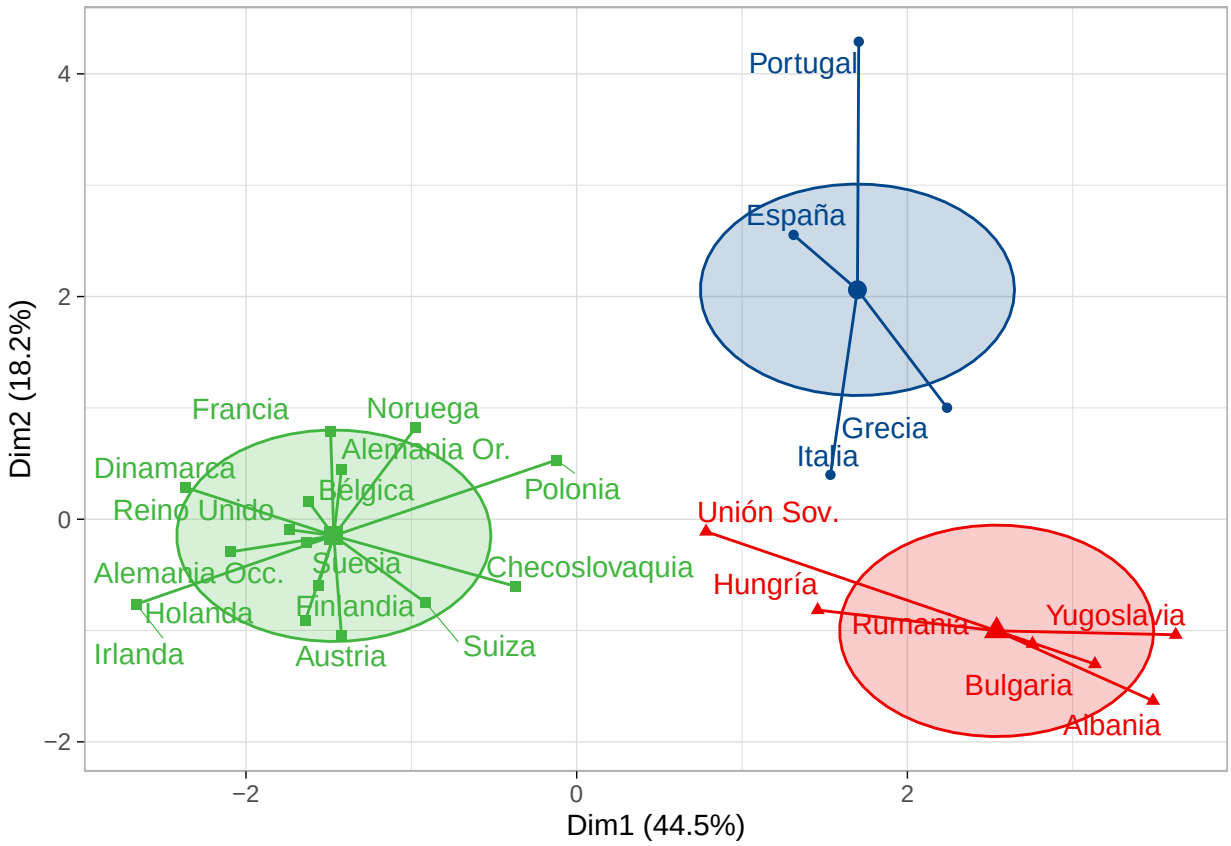
```
  summary(
    aov(formula(paste0("Cluster~",x)), data = paises.km)
  )
})
```

```
## $CarneRoja
##             Df  Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
## CarneRoja    1  3.2349  3.2349  6.8103 0.01567 *
## Residuals   23 10.9251  0.4750
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## $CarneBlanca
##             Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## CarneBlanca  1 6.0312  6.0312  17.065 0.0004062 ***
## Residuals   23 8.1288  0.3534
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## $Huevos
##             Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
## Huevos       1 4.4147  4.4147  10.419 0.003722 **
## Residuals   23 9.7453  0.4237
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## $Leche
##             Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Leche        1 6.0852  6.0852  17.333 0.0003748 ***
## Residuals   23 8.0748  0.3511
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## $Pescado
##             Df  Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Pescado      1  0.1931 0.19305  0.3179 0.5783
## Residuals   23 13.9669 0.60726
##
## $Cereales
##             Df  Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
## Cereales     1  3.8963  3.8963  8.7314 0.007103 **
## Residuals   23 10.2637  0.4462
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## $Feculas
##             Df  Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Feculas      1  1.5183 1.51826  2.7623 0.1101
## Residuals   23 12.6417 0.54964
##
## $FrutosSecos
##             Df  Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## FrutosSecos  1 10.4138 10.4138  63.935 4.327e-08 ***
## Residuals   23  3.7462  0.1629
```

```
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## $FrutosyVegetales
##                   Df  Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
## FrutosyVegetales   1  4.0097  4.0097  9.0858 0.00618 **
## Residuals         23 10.1503  0.4413
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Visualización de K-medias

```
fviz_cluster(k.medias,
             data = p.esc,
             palette = "lancet",
             ellipse.type = "euclid",
             star.plot = T,
             repel = T,
             ggtheme = theme_light()) +
  theme(legend.position = "none",
        plot.title = element_blank())
```



Método PAM

Partición Alrededor de Medioides

Usamos `cluster::pam()`

Descripción

En lugar de usar k-means, usa mediodes.

```
met.pam = pam(p.esc, k = 3)

met.pam$medoids
```

```
##                CarneRoja CarneBlanca     Huevos       Leche     Pescado
## Rumania        -1.0839304  -0.4320425 -1.2848772 -0.84611516 -0.96516320
## Bélgica         1.0970762   0.3800675  1.0415022  0.05460623  0.06348211
## España         -0.8150392  -1.2170822  0.1467409 -1.19795945  0.79822876
##                  Cereales    Feculas FrutosSecos FrutosyVegetales
## Rumania         1.5810786 -0.7196689   1.1220326      -0.74061625
## Bélgica        -0.5146342  0.8714358  -0.4895043      -0.07539207
## España         -0.2777275  0.8714358   1.4241958       1.69853906
```

Visualización de mediodes

```
fviz_cluster(met.pam,
             palette = "lancet",
             ellipse.type = "t",
             repel = T,
             ggtheme = theme_light()) +
  theme(legend.position = "none",
        plot.title = element_blank())
```