

Dendrograma

Omar Sanchez Hernandez

4/6/2022

Introducción

Para el desarrollo de la practica del dendrograma se recurrira a hacer uso de la matriz de datos *all.mammals.milk.1956* que se encuentra contenida en la libreria ***cluster.datasets***.

```
library(cluster.datasets)
library(knitr)
data("all.mammals.milk.1956")
AMM=all.mammals.milk.1956
kable(head(AMM))
```

name	water	protein	fat	lactose	ash
Horse	90.1	2.6	1.0	6.9	0.35
Orangutan	88.5	1.4	3.5	6.0	0.24
Monkey	88.4	2.2	2.7	6.4	0.18
Donkey	90.3	1.7	1.4	6.2	0.40
Hippo	90.4	0.6	4.5	4.4	0.10
Camel	87.7	3.5	3.4	4.8	0.71

Características de la matriz de datos

```
dim(AMM)
```

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

```
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 matriz de datos contiene 25 observaciones y 6 variables de las cuales 5 son numericas y una es de caracteres.

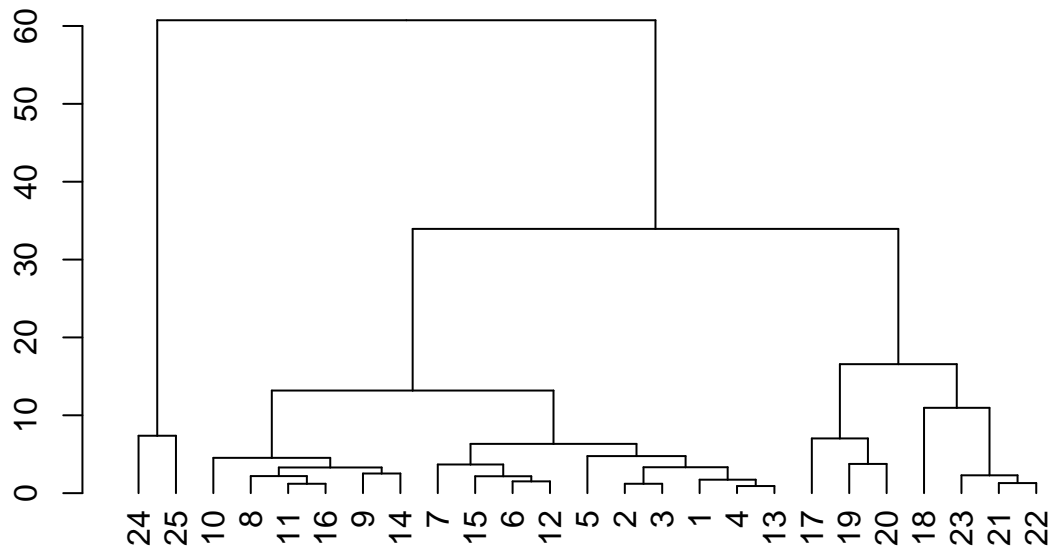
Cálculo de la matriz de distancias de Mahalanobis

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

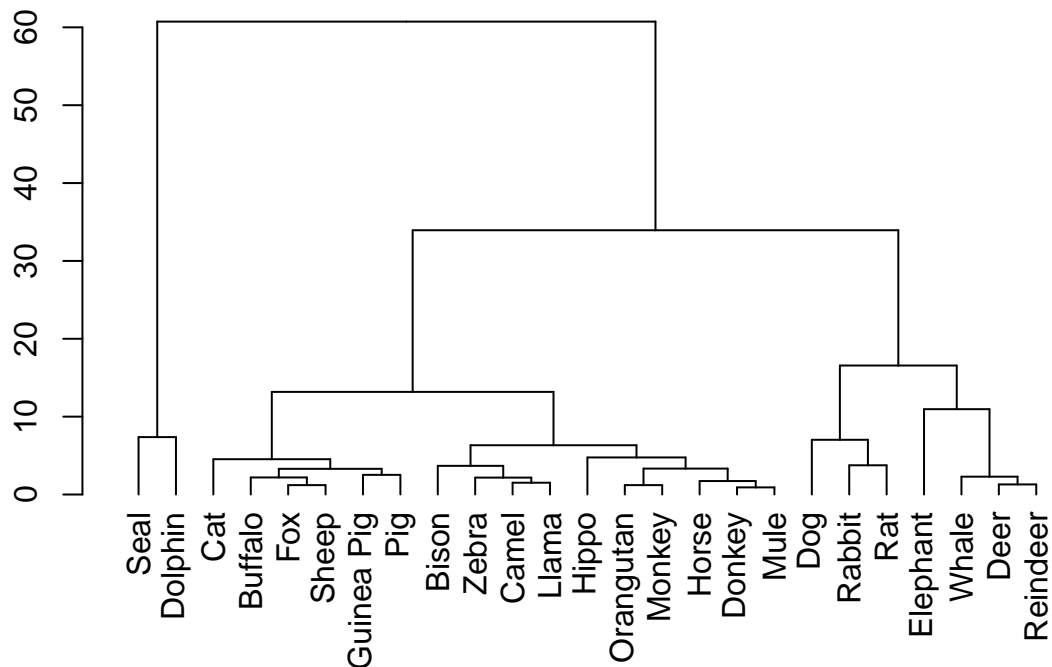
Realización del dendrograma

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



Agregar etiquetas al gráfico

```
AMM.nombres=AMM
rownames(AMM.nombres)= AMM.nombres$name
AMM.nombres=AMM.nombres[, -1]
plot(as.dendrogram(hclust(dist(AMM.nombres))))
```



Modificar el dendrograma

Guardar las etiquetas en un objeto “L”

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

Cambiar el tamaño de las etiquetas

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

Dendrograma de mamíferos

