

Dendograma

Oscar Elí Bonilla Morales

2022-05-24

Cargamos librerías

```
install.packages("cluster.datasets")
library("cluster.datasets")
```

Bajamos la matriz de datos

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

Cambiamos el nombre de la matriz

```
AMM=all.mammals.milk.1956
head(AMM)
```

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

#Exploración de la matriz

```
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 ...
```

```
anyNA(AMM)
```

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

Calculo de la matriz de distancia de Mahalanobis

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

Convertir los resultados del Calculo de la distancia a una matriz de datos y me indique 3 digitos.

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

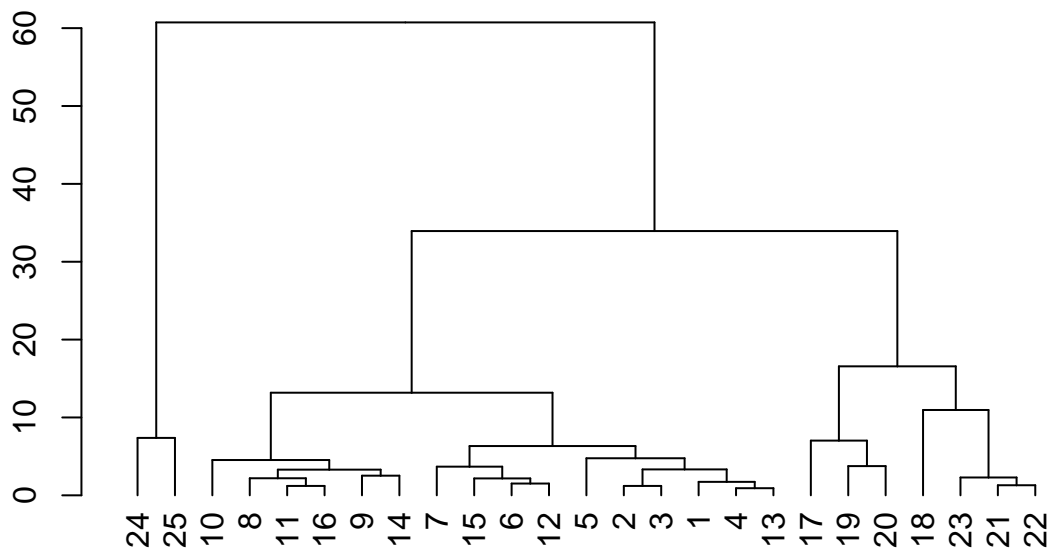
```
##      1      2      3      4      5      6
## 1 0.000 3.327 2.494 1.226 4.759 4.107
## 2 3.327 0.000 1.206 2.794 2.798 2.592
## 3 2.494 1.206 0.000 2.375 3.716 2.348
## 4 1.226 2.794 2.375 0.000 3.763 4.007
## 5 4.759 2.798 3.716 3.763 0.000 4.176
## 6 4.107 2.592 2.348 4.007 4.176 0.000
```

Calculo del dendrograma

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

Generacion del dendrograma

```
plot(dend.AMM)
```

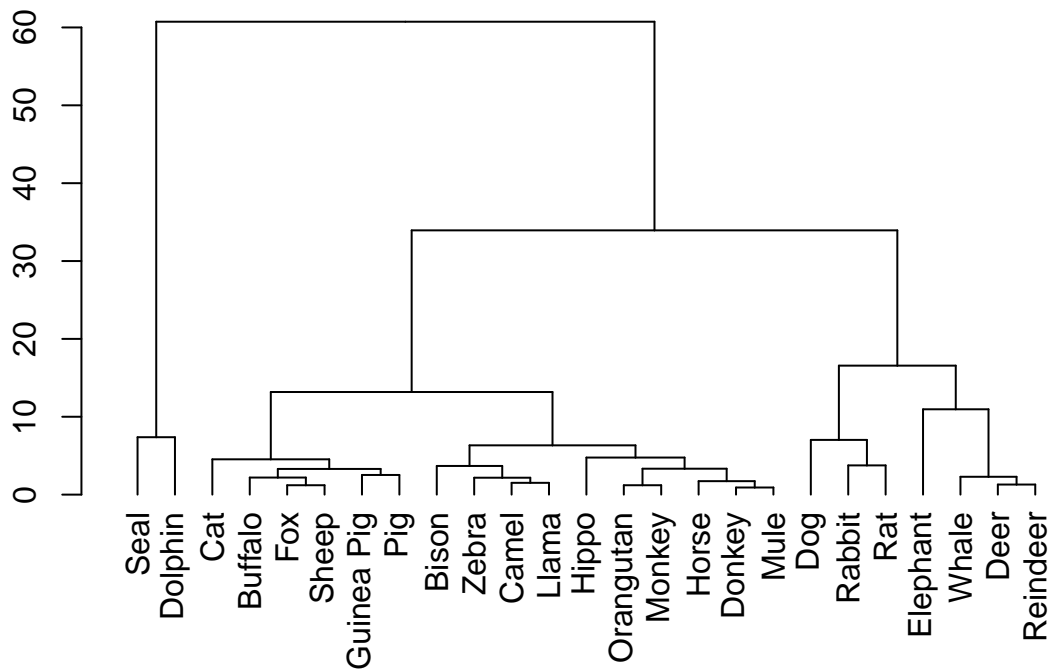


Agregar etiquetas al Grafico

```
AMM.nombres=AMM
rownames(AMM.nombres)= AMM.nombres$name
AMM.nombres=AMM.nombres[, -1]
```

Construimos de nuevo el Grafico

```
plot(as.dendrogram(hclust(dist(AMM.nombres))))
```



Modificar el dendrograma

```
install.packages("dendextend")  
library(dendextend)
```

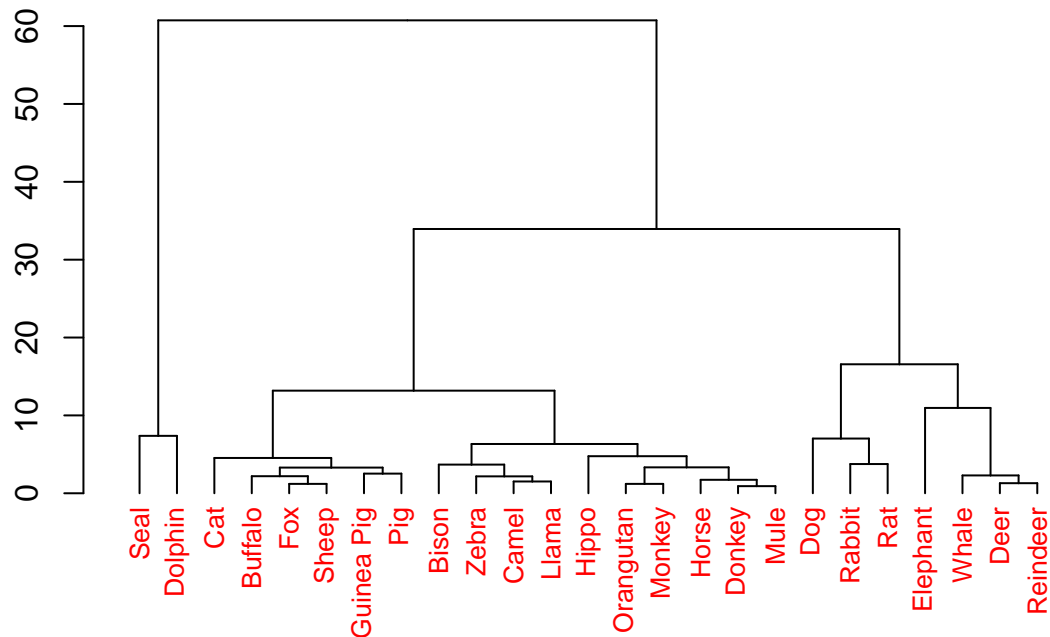
Guardar las etiquetas en un objeto “L”

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

Cambiar el tamaño de las etiquetas

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

Dendrograma de Mamiferos



Dendrograma de Circulo

```
install.packages("circlize")
library("circlize")

circlize_dendrogram(dend.AMM, labels_track_height=NA,
                    dend_track_height=0.1)
```

