

# Dendrograma

Saraí Campos Varela

2022-06-02

## Librerías

```
library(cluster.datasets)
library(dendextend)
library(circlize)
```

## Base de datos

Usaremos la base de datos precargada en R “**all.mammals.milk.1956**”, la cual contiene información sobre leche de diferentes especies de animales.

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

## Exploración de la matriz

```
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
```

```
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
```

Esta base cuenta con 25 observaciones y 6 variables

## Cálculo de la matriz de distancias 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))
```

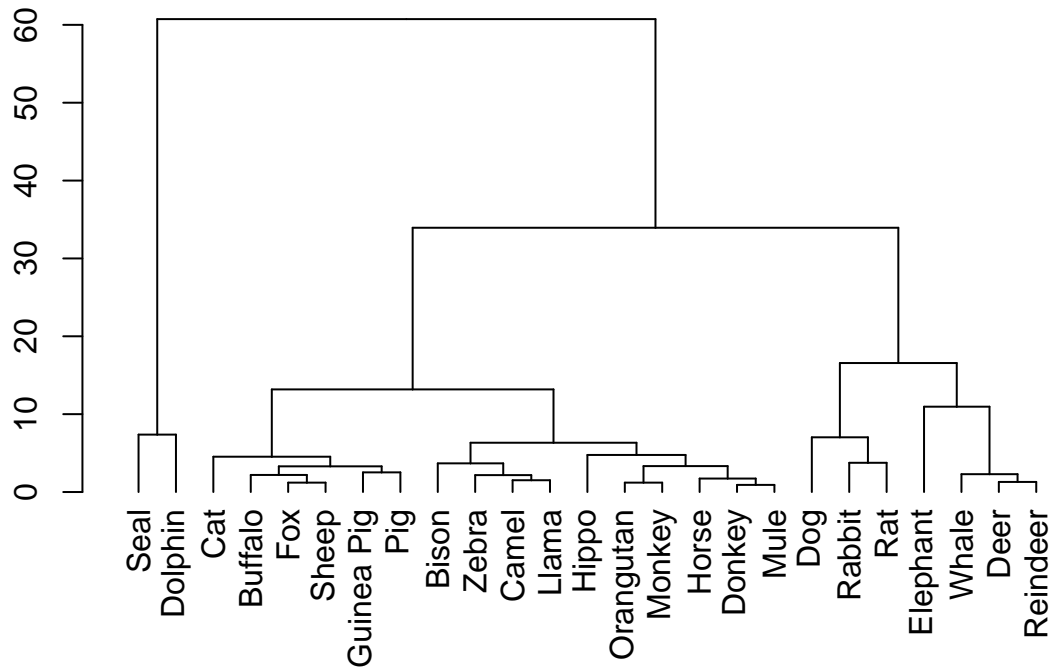
## Creación del dendrograma

Agregamos etiquetas al gráfico.

```
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))))
```



## Modificamos el gráfico

Guardar las etiquetas en un objeto “L”

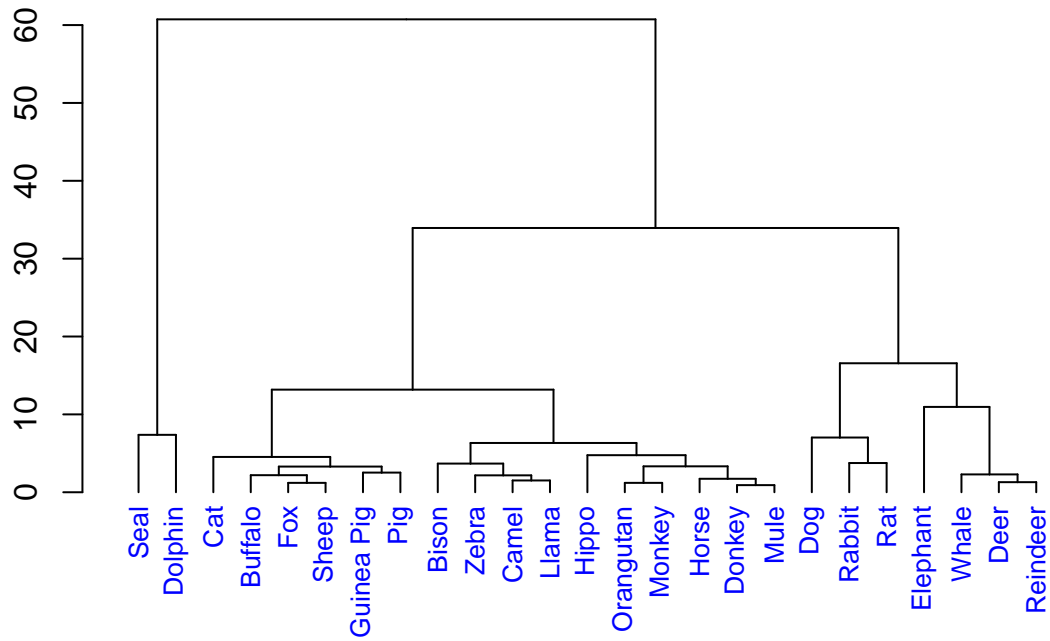
```
L=labels(dend.AMM)
```

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

Cambiar el tamaño de las etiquetas

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

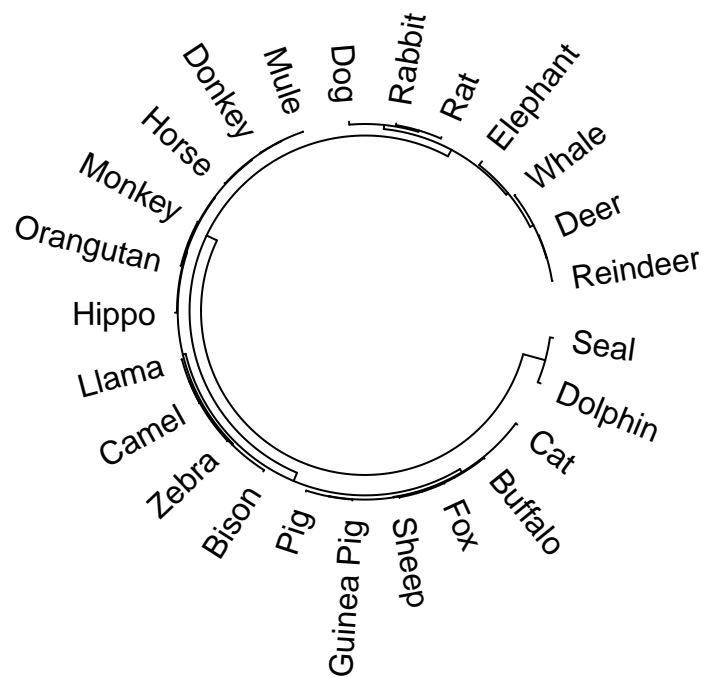
## Dendrograma de mamiferos



```

circlize_dendrogram(dend.AMM, labels_track_height = NA,
                     dend_track_height = 0.1,
                     sector.index = "b",
                     track.index = 3)

```



## Interpretación

El dendrograma muestra dos grupos, en el primero se observa la especie foca y delfin, el cual esta apartado de subgrupos. Por otro lado, el segundo grupo esta dividido en diferentes subgrupos donde se muestran desglosados las distintas especies que se encuentran en nuestra base de datos.