

PAM

Sisi Guevara García

2/6/2022

PARTITION AROUND MEDOIDS (PAM)

INTRODUCCIÓN

PAM es un algoritmo cuyo objetivo es encontrar k objetos representativos que minimicen la suma de las diferencias de las observaciones con su objeto representativo más cercano. Este método se basa en la búsqueda de k objetos representativos o medoides entre las observaciones del conjunto de datos. Estas observaciones deben representar la estructura de los datos. Después de encontrar un conjunto de k medoides, se construyen k grupos asignando cada observación al medoide más cercano.

Librerías

```
library(cluster)
```

Matriz de datos.

```
X<-as.data.frame(state.x77)
colnames(X)
```

```
## [1] "Population" "Income"      "Illiteracy" "Life Exp"    "Murder"
## [6] "HS Grad"    "Frost"        "Area"
```

Transformación de datos

1.- Transformación de las variables x_1, x_3 y x_8 con la función de logaritmo.

```
X[,1]<-log(X[,1])
colnames(X)[1]<-"Log-Population"

X[,3]<-log(X[,3])
colnames(X)[3]<-"Log-Illiteracy"

X[,8]<-log(X[,8])
colnames(X)[8]<-"Log-Area"
```

Método PAM

1.- Separación de filas y columnas.

```
dim(X)
```

```
## [1] 50 8
```

```
n<-dim(X)[1]
```

```
p<-dim(X)[2]
```

2.- Estandarización univariante.

```
X.s<-scale(X)
```

3.- Aplicación del algoritmo

```
pam.3<-pam(X.s,3)
```

4.- Clusters

```
cl.pam<-pam.3$clustering
```

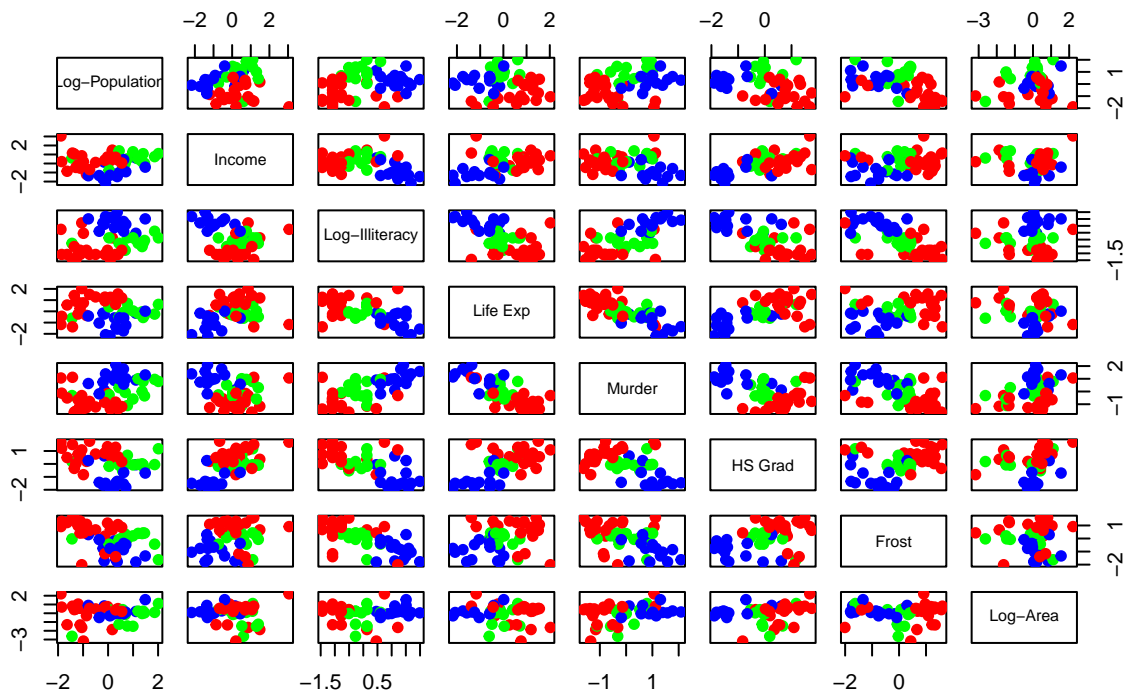
```
cl.pam
```

```
##      Alabama      Alaska      Arizona      Arkansas      California
##           1           2           1           1           3
##      Colorado Connecticut Delaware      Florida      Georgia
##           2           2           3           1           1
##           Hawaii      Idaho      Illinois      Indiana      Iowa
##           2           2           3           3           2
##           Kansas      Kentucky Louisiana      Maine      Maryland
##           2           1           1           2           3
##      Massachusetts Michigan Minnesota Mississippi Missouri
##           3           3           2           1           3
##           Montana      Nebraska      Nevada New Hampshire New Jersey
##           2           2           2           2           3
##           New Mexico New York North Carolina North Dakota Ohio
##           1           3           1           2           3
##           Oklahoma      Oregon Pennsylvania Rhode Island South Carolina
##           3           2           3           2           1
##           South Dakota Tennessee Texas Utah Vermont
##           2           1           1           2           2
##           Virginia Washington West Virginia Wisconsin Wyoming
##           1           2           1           2           2
```

5.- Scatter plot de la matriz con los grupos

```
col.cluster<-c("blue","red","green")[cl.pam]
pairs(X.s, col=col.cluster, main="PAM", pch=19)
```

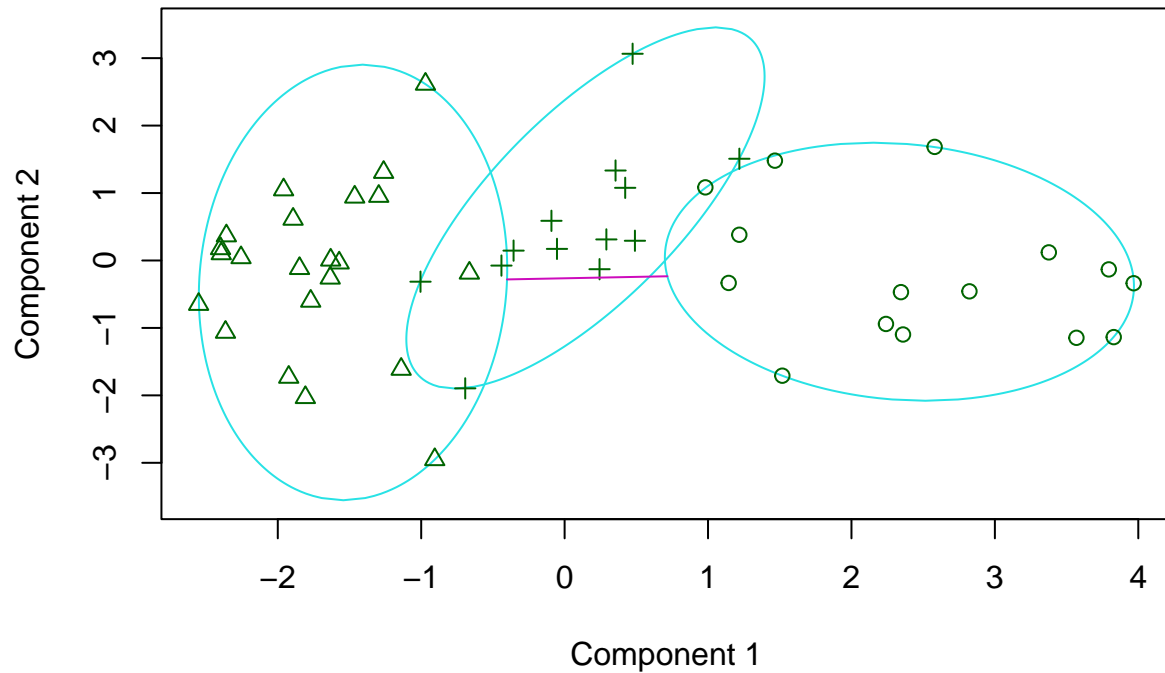
PAM



Visualización con Componentes Principales

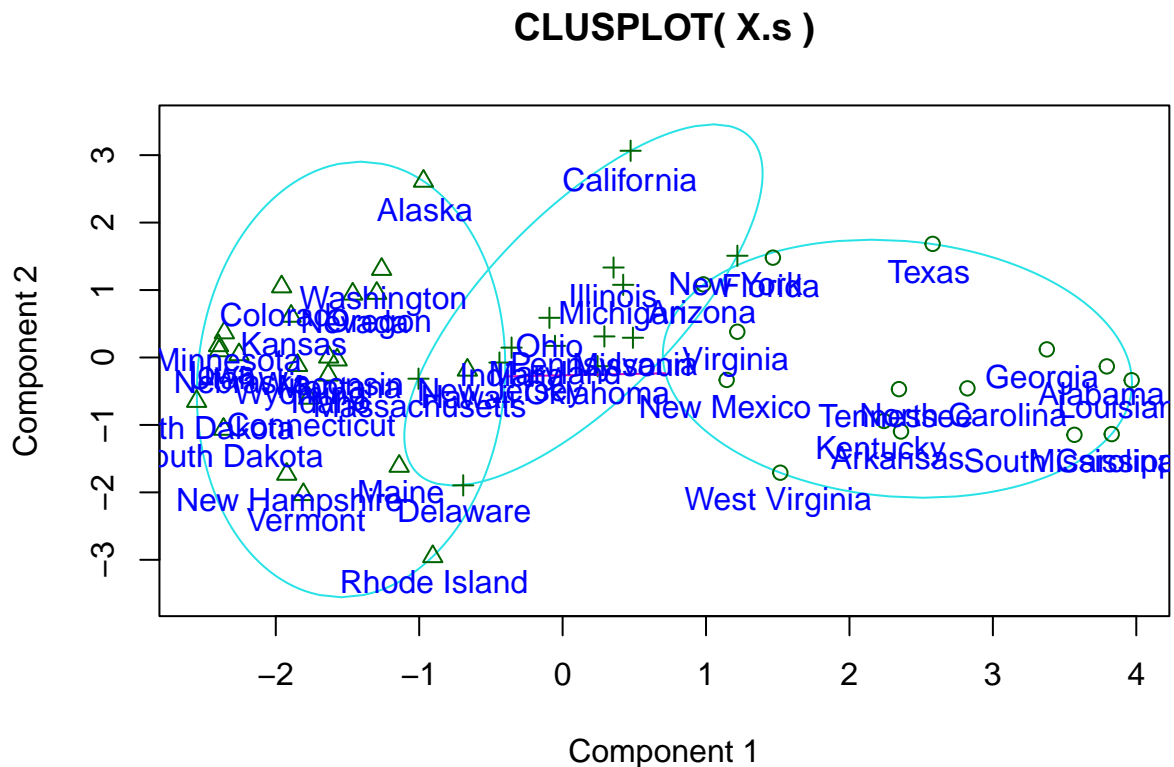
```
clusplot(X.s,cl.pam)
```

CLUSPLOT(X.s)



These two components explain 62.5 % of the point variability.

```
clusplot(X.s,cl.pam)
text(princomp(X.s)$scores[,1:2],
     labels=rownames(X.s),pos=1, col="blue")
```



These two components explain 62.5 % of the point variability.

Silhouette

Representación gráfica de la eficacia de clasificación de una observación dentro de un grupo.

1.- Generación de los cálculos

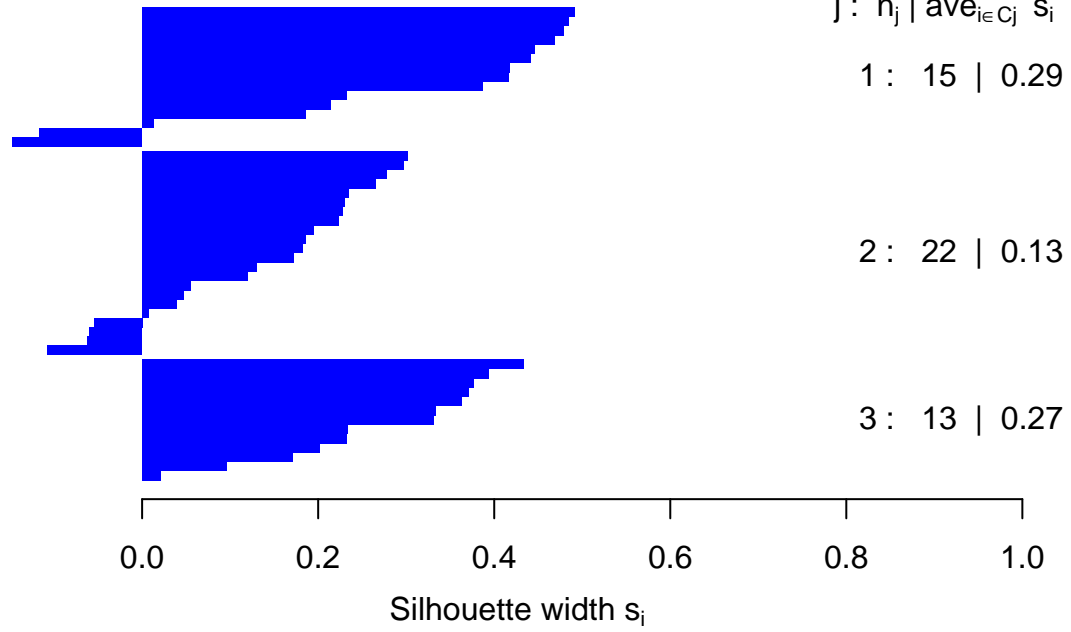
```
dist.Euc<-dist(X.s, method = "euclidean")
Sil.pam<-silhouette(cl.pam, dist.Euc)
```

2.- Generación del gráfico

```
plot(Sil.pam, main="Silhouette for PAM",
     col="blue")
```

Silhouette for PAM

n = 50



Average silhouette width : 0.22