Введение в иерархический кластерный анализ: матрица расстояний, метод агломерации, дендрограмма

Алла Тамбовцева

Реализуем в R иерархический кластерный анализ, который мы проделали на лекции вручную. У нас есть пять наблюдений и две переменные, X и Y. Запишем значения в векторы, а затем объединим их в датафрейм:

Примечание 1: cbind соответствует объединению по столбцам (от *columns*), rbind — объединению по строкам (от *rows*).

Примечание 2: в данном случае функция cbind() тоже бы подошла, только стоит иметь в виду, что она создаёт матрицу, а не датафрейм. Проблема может возникнуть тогда, когда х и у являются векторами разного типа, при объединении в матрицу все элементы будут приведены к одному типу. Победит более сильный тип: например, строковый (*character*) вытеснит числовой (*numeric*), и все элементы станут текстовыми.

Добавим к нашему датафрейму названия строк. В R есть встроенный вектор LETTERS, содержащий заглавные буквы английского алфавита. Возьмём оттуда первые пять букв и запишем в названия строк:

Построим матрицу расстояний D, но прежде шкалируем наши данные с помощью функции scale(): вычтем из каждого значения в столбце x среднее по столбцу и поделим на стандартное отклонение по столбцу, затем проделаем то же самое для столбца y:

Матрица в R получилась довольно экономной: она показывает только расстояния между различными точками и не дублирует одни и те же расстояния, предполагая, что матрица симметричная. По умолчанию функция dist() считает евклидово расстояние. Запросим документацию функции через ?:

?dist

Список доступных расстояний:

- euclidean: евклидово расстояние;
- тахітит: расстояние Чебышёва;
- manhattan: манхэттенское расстояние;
- canberra: канберрское расстояние;
- binary: асимметричное бинарное расстояние;
- minkowski: расстояние Минковского.

Теперь запустим иерархический кластерный анализ, выберем метод ближнего соседа, метод одиночной связи (single):

```
hc <- hclust(D, method = "single")
hc

##

## Call:
## hclust(d = D, method = "single")
##

## Cluster method : single
## Distance : euclidean
## Number of objects: 5</pre>
```

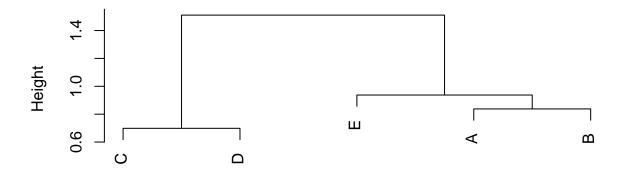
По умолчанию функция hclust() использует метод дальнего соседа, метод полной связи (complete), список основных методов такой:

- complete: метод полной связи;
- single: метод одиночной связи;
- average: метод средней связи;
- median: метод медианной связи;
- centroid: метод центроидной связи.

Осталось только построить дендрограмму, для этого потребуется только базовая функция plot():

```
plot(hc, main = "Single linkage method")
```

Single linkage method

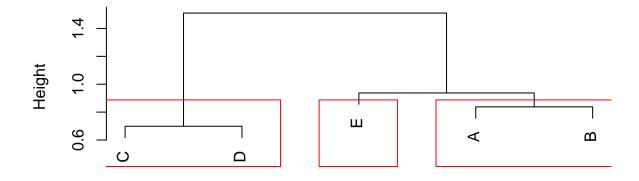


D hclust (*, "single")

Если мы определились с числом кластеров, можем выделить их на дендрограмме явно, с помощью прямоугольников:

```
plot(hc, main = "Single linkage method")
rect.hclust(hc, k = 3, border = "red")
```

Single linkage method



D hclust (*, "single")

Примечание: функция rect.hclust() добавляет прямоугольники на уже существующий график, то есть накладывает ещё один слой с графическими элементами. Поэтому эта строка с кодом должна запускаться сразу после plot(). Если запустить её два

раза с разным k, не перезапустив строку с plot(), прямоугольники тоже добавятся два раза, поэтому не забывайте обновлять саму дендрограмму.

Из объекта hc, который нам создала функция hclust(), можно извлекать отдельные элементы. Например, расстояния, при которых производилось объединение кластеров на каждой итерации алгоритма:

hc\$height

[1] 0.6985260 0.8377078 0.9373172 1.5106530

Расстояния отличаются от тех, которые были на лекции, так как на лекции мы пренебрегли шкалированием, ссылаясь на то, что оба показателя измерены в одних и тех же единицах измерения.