

Dendograma

Edgar Ortiz Mota

2022-05-24

Cargamos librerias

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

Bajamos la matriz de datos

```
data(rda.meat.fish.fowl.1959)  
crimen = rda.meat.fish.fowl.1959  
anyNA(crimen)
```

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

Calculo de la matriz de distancia de Mahalonobis

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

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

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

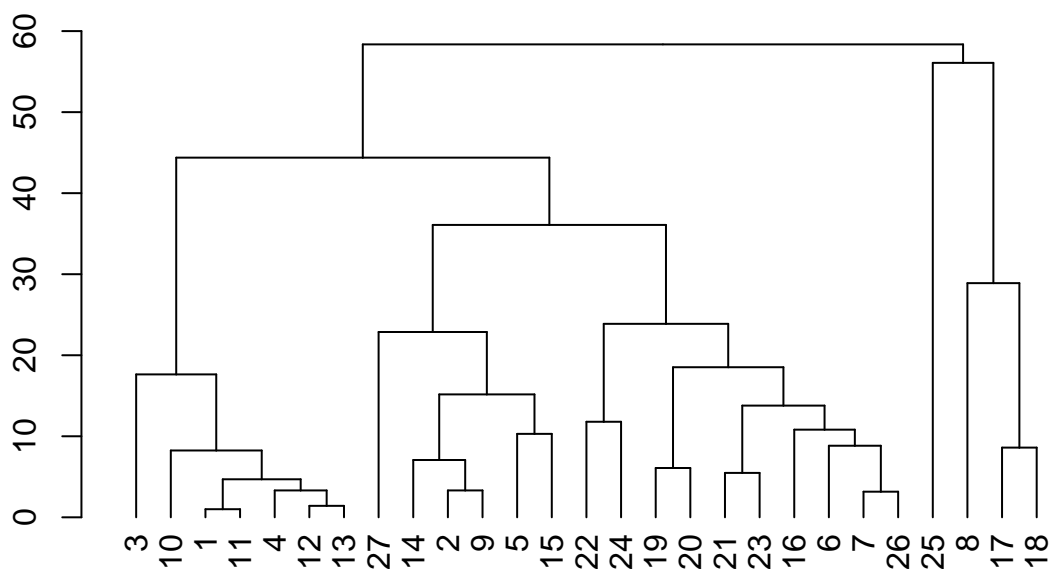
```
##      1      2      3      4      5      6  
## 1  0.000 11.489 16.432  4.583 21.794 27.893  
## 2 11.489  0.000 26.721 15.843 12.450 19.131  
## 3 16.432 26.721  0.000 12.530 37.081 38.678  
## 4  4.583 15.843 12.530  0.000 25.652 31.702  
## 5 21.794 12.450 37.081 25.652  0.000 24.228  
## 6 27.893 19.131 38.678 31.702 24.228  0.000
```

Calculo del dendrograma

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

Generación del dendrograma

```
plot(dend.crimen)
```

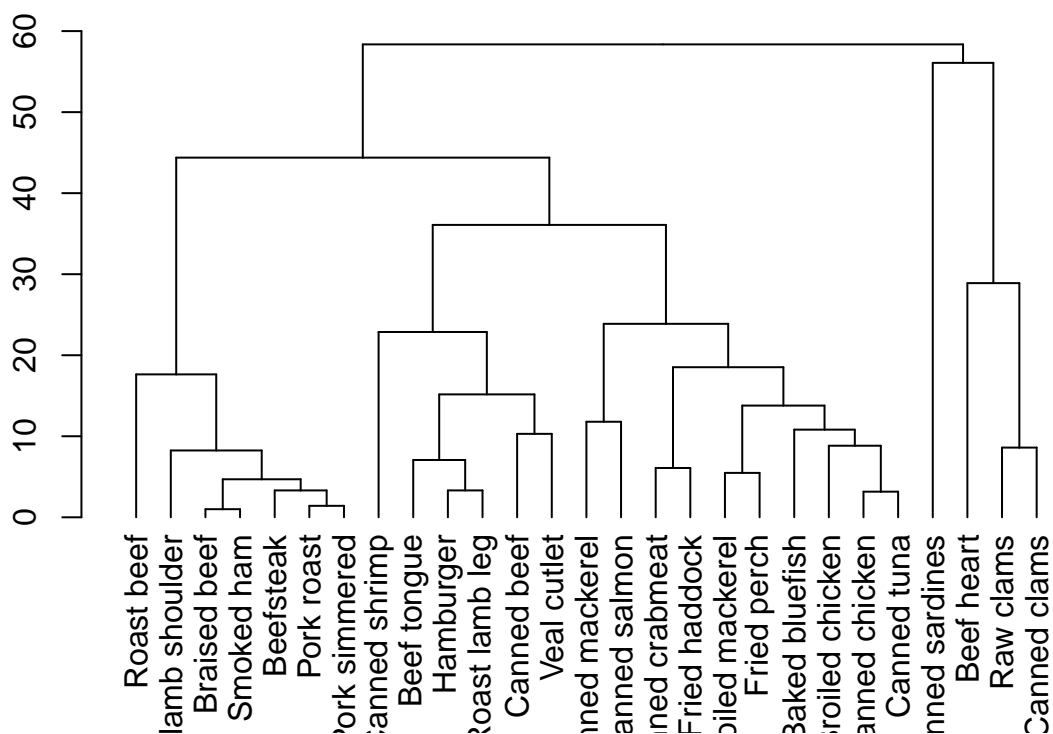


Agregar etiquetas al Grafico

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

Construimos de nuevo el Grafico

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



Modificar el dendrograma

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

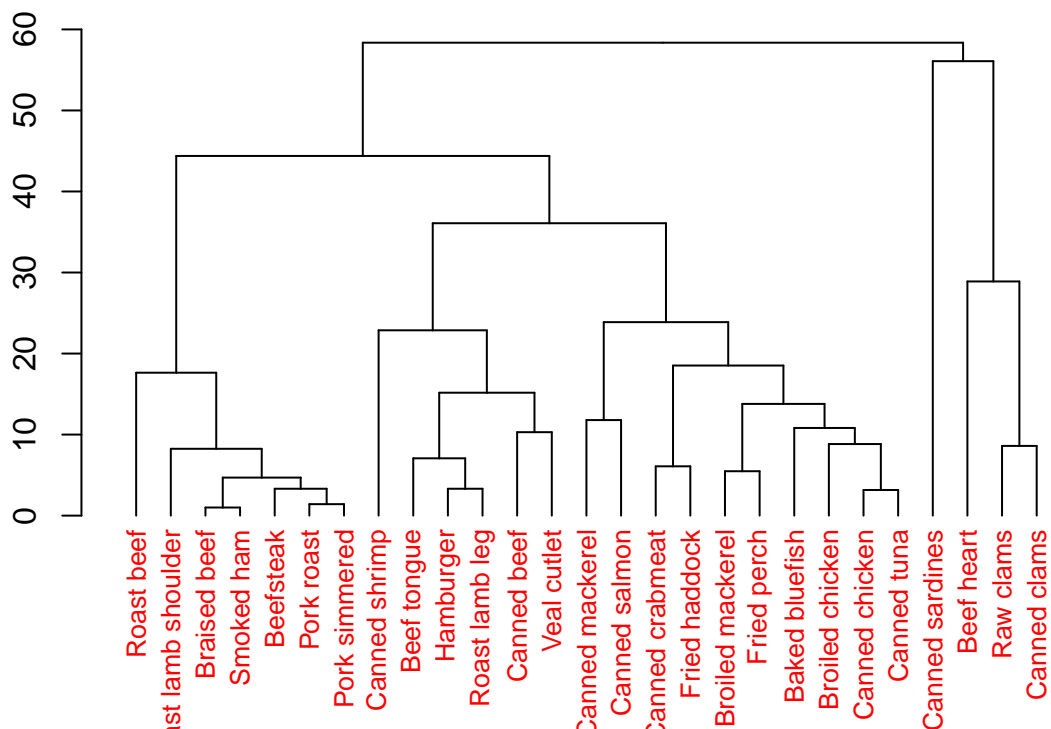
Guardar las etiquetas en un objeto “L”

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

Cambiar el tamaño de las etiquetas

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

Dendrograma de Nutrientes



Dendograma de Circulo

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

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

