

Dendrograma

Medel Colorado Yoselin Merari

2022-05-18

Dendrograma

Instalar 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
```

Cálculo de la matriz de distancia de Mahalanobis

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

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

```
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
```

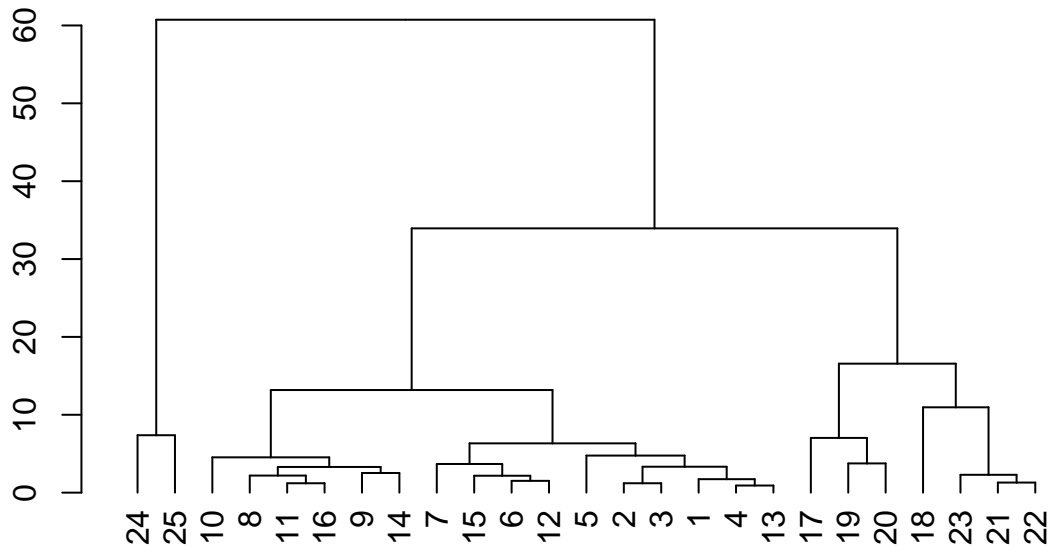
```
## 4 1.226 2.794 2.375 0.000 3.763 4.007
## 5 4.759 2.798 3.716 3.763 0.000 4.176
## 6 4.107 2.592 2.348 4.007 4.176 0.000
```

Cálculo del dendrograma

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

Generación del dendrograma

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

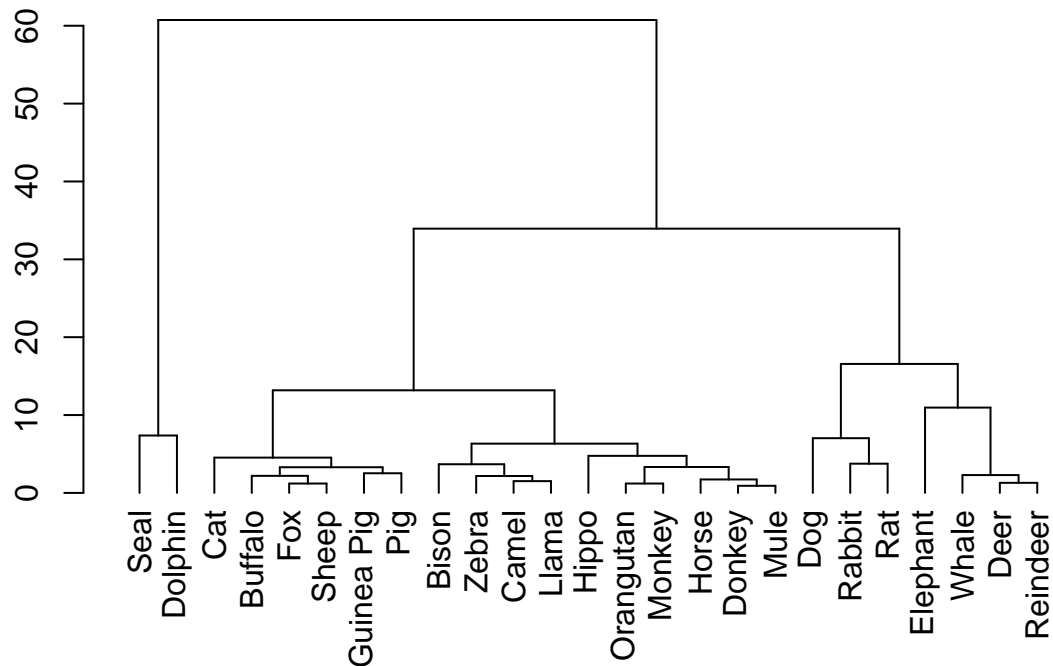


Agregar etiquetas al gráfico

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

Construimos de nuevo el gráfico

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



Modificar el dendrograma

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

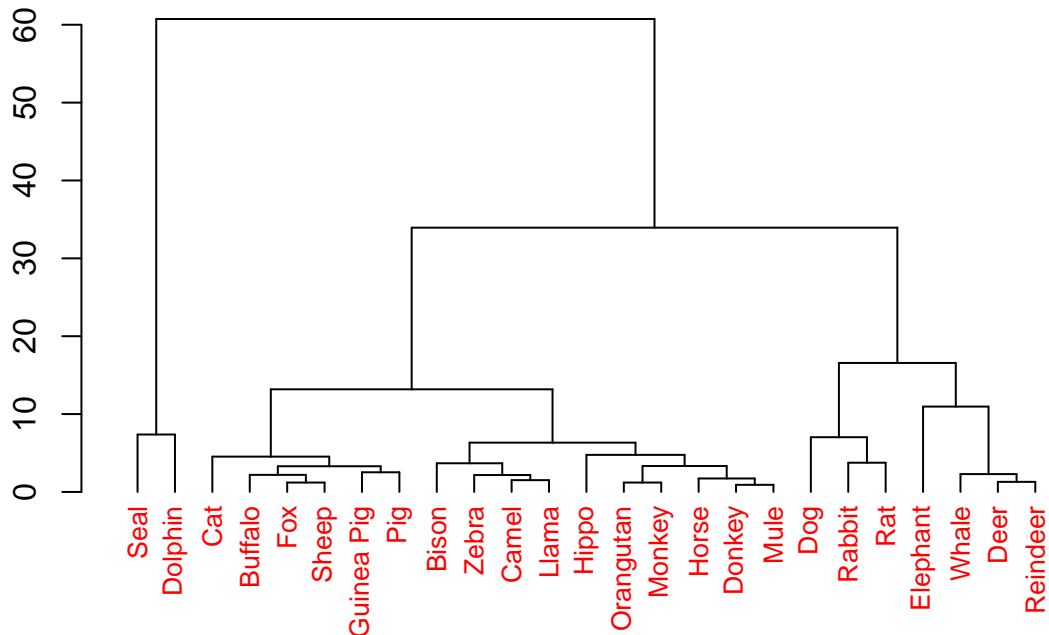
Guardar las etiquetas en un objeto “L”

```
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 Mamíferos")
```

Dendrograma de Mamíferos



Dendrograma de círculo

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

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

