

# Biplot\_vinos. En R

Medel Colorado Yoselin Merari

2022-06-02

```
{r setup, include=FALSE} knitr::opts_chunk$set(echo = TRUE)
```

## BIPLOT

### Instalación de paquetes

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

### Reconocimiento de la matriz de datos

```
load("Vinos.rda")  
BD<-Vinos
```

```
#----- # Exploración de matriz #-----  
dim(BD)  
str(BD)  
colnames(BD)
```

### Gráficos de exploración

```
BX1<-BoxPlotPanel(BD[,4:9], nrow=2, groups=BD$denomina)  
BX1  
  
BX2<-BoxPlotPanel(BD[,4:9], nrow=2, groups=BD$grupo)  
BX2
```

### Filtrado de variables

#### 1.- Selección de variables numéricas

```
X<-BD[,4:21]
```

## 2.- Generación Plot

```
PL1<-plot(X[,1:9])  
PL2<-plot(X[,10:18])
```

## Reducción de la dimensionalidad

#1.- ACP # Scaling= # 1: datos originales, # 2: Resta la media global del conjunto de los datos, # 3: Doble centrado (agricultura / interaccion de residuales) # 4: Centrado por columnas (variables con misma escala) # 5: Estandarizado por columnas

```
acpvino<-PCA.Analysis(X,Scaling = 5)  
summary(acpvino)
```

## Presentación de tablas (markdown)

```
summary(acpvino, latex=TRUE)
```

#2.- Contenido del objeto acpvino

```
names(acpvino)
```

#3.- Generación del gráfico # Sin caja

```
acp1<-plot(acpvino, ShowBox=FALSE)
```

## screepplot con barras

```
acp2<-princomp(X, cor=TRUE, score=TRUE)  
plot(acp2)
```

## Gráfico circular de correlación

```
acp3<-plot(acpvino, CorrelationCircle=TRUE,  
           ShowAxis=TRUE, CexInd=1.5)
```

## agregar grupos al biplot

## definido por usuario

```
acpvino1<-AddCluster2Biplot(acpvino, ClusterType="us",  
                             Groups = BD$grupo)
```

## Gráfico con polígonos

CexInd= tamaño de los argumentos

```
acp4<-plot(acpvino1, PlotClus=TRUE,  
           ClustCenters=TRUE, margin=0.05,  
           CexInd=0.7, ShowBox=TRUE)
```

## gráfico con elipses

```
acp5<-plot(acpvino1, PlotClus=TRUE, ClustCenters=TRUE,  
           margin=0.05, CexInd=0.7, TypeClus="el",  
           ShowBox=F)
```

## gráfico con estrellas

```
acp6<-plot(acpvino1, PlotClus=TRUE, ClustCenters=TRUE,  
           margin=0.05, CexInd=0.7, TypeClus="st",  
           ShowBox=TRUE)
```

## Biplot

alpha=

0:GH

1:JK

2:HJ

## Predeterminado JK

```
bipvino<-PCA.Biplot(X, Scaling = 5)  
summary(bipvino)
```

## Valores propios

```
bipvino$EigenValues
```

## screeplot

```
SC<-barplot(bipvino$EigenValues)
```

## Vectores propios

```
bipvino$EV
```

## Tabla de inercias

```
Inercias<-data.frame(paste("Eje",1:length(bipvino$EigenValues)),  
                    bipvino$EigenValues, bipvino$Inertia,  
                    bipvino$CumInertia)  
  
colnames(Inercias)<-c("Eje", "Valor Propio",  
                    "Inercia", "Inercia acumulada")
```

## Markdown

```
install.packages("knitr")  
library(knitr)  
kable(Inercias)
```

## tabla contribución de columnas

```
kable(bipvino$ColContributions)
```

## Gráfico

```
plot(bipvino, ShowBox=TRUE)
```

## Prolongación de vectores linea recta

```
BP1<-plot(bipvino, mode="s",  
          margin=0.1, ShowBox=TRUE)
```

## Prolongación de vectores con flechas y linea punteada

```
BP2<-plot(bipvino, mode="ah", margin=0.05,  
          ShowBox=TRUE)
```

## Gráfico circular correlaciones

```
GC<-CorrelationCircle(bipvino)
```

## Gráfico contribuciones de los vectores

### Calidad de representacion eje 1, 2 y 1+2

```
ColContributionPlot(bipvino, AddSigns2Labs = FALSE)
```

## Proyección individuos sobre una variable

### dp= selecciona la variable

```
BP3<-plot(bipvino, dp=2, mode="s",  
          ColorVar=c("blue", rep("grey",17)),  
          ShowBox=TRUE)
```

#Proyección de ind sobre todas las variables # PredPoints= individuo

```
BP4<-plot(bipvino, PredPoints=1, mode="s",  
          ColorVar=1:18, ShowBox=TRUE)
```

## Agregar cluster Jerarquico con datos originales

### metodo ward.D

```
bipvino=AddCluster2Biplot(bipvino, NGroups=4,  
                          ClusterType="hi",  
                          method="ward.D",  
                          Original=TRUE)
```

## Cluster aplicado al biplot

```
clusBP<-plot(bipvino, PlotClus=TRUE,ShowAxis=TRUE)  
clusBP
```