## Ayudantia 6: Clusters Jerárquicos

# Actividad de Ayudantia 6

Para la actividad de esta semana deberan generar un sample (subconjunto al azar de los datos de spotify) de la data del proyecto 2 (de unas 10.000 observaciones para que sea parecido a lo trabajado aqui) (consideren que esta tarea les puede ser de gran ayuda para cuando tengan que hacer el proyecto 2) y realizar el analisis de clustering jerarquico (exploren los distintos tipos de distancia, metodos que se pueden utilizar para hacer clustering jerarquico, probar cortar el arbol para distintos tipos de distancia, metodos que se pueden utilizar para hacer clustering jerarquico, probar cortar el arbol para distintos h, distintos k, y va variando la cantidad de cluster segun el h que eligan, caracterizar los clusters que encuentren).

#### Cargar Datos Actividad

 Dado el formato con el que estan subidos los datos, para cargar los datos debemos ir a Session, luego a Load Workspace y seleccionamos el archivo .RData que subio el profe

### Sample Datos Actividad

```
# Este es un ejemplo de como hacer un sample con la funcion slice_sample de dplyr, que hace muy sencillo el tomar una
# sample_spotify <- beats %5% slice_sample(n-10000)
```

## Ayudantia 6

### Importar Librerias

```
library(janitor)

## Warning: package 'janitor' was built under R version 4.0.5

## ## Attaching package: 'janitor'

## The following objects are masked from 'package:stats':

## ## chisq.test, fisher.test
```

#### **Cargar Datos:**

```
setwd("C:/Users/sebah/Desktop/U/mineria de datos/ayudantia 6")
data <- read.csv("Spotify_Songs.csv")
summary(data)</pre>
```

## Pre Procesamiento de los Datos

### Limpieza Datos:

Para este dataset el proceso de limpieza de datos sera un poco mas extensa por lo que debemos ir por partes

• Primero verificar la existencia de valores NA o faltantes

```
# Para las observaciones que tengan datos faltantes, le asignamos el valor NA para eliminarlos en el siguiente paso data[data == ""] <- NA

# Verificamos donde hay valores NAs data %>% summarise_all(funs(sum(is.na(.))))
```

```
4
                   ## Warning: 'funs()' was deprecated in dplyr 0.8.0.
## Please use a list of either functions or lambdas:
                  ## ## Simple named list:
## list(mean = mean, median = median)
                  ## # Auto named with 'tibble::lst()':
## tibble::lst(mean, median)
## # Using lambdas
## list(- mean(., trim = .2), ~ median(., na.rm = TRUE))
                   ## track_id track_name track_artist track_popularity track_album_id ## 1 0 7 8 4 5 5 ## track_album_name track_album_release_date playlist_name playlist_id #1 9 5 6 7 7
                ## 1 Pack_album_name trace_album_name tr
                # De existir eliminamos todas las observaciones que presenten estos datos data_pre <- data 5\%
                         filter(!(is.na(track_name)|is.na(track_artist)|is.na(track_album_name)|is.na(duration_ms)))
                  # Corroboramos que no queden datos NA
data_pre %>%
summarise_all(funs(sum(is.na(.))))

    Segundo filtrar y remover datos duplicados
```

```
data_pre <- data_pre[!duplicated(data_pre$track_id),]</pre>
```

Tercero verificar la existencia de errores en los datos de las observaciones

```
8 Al explorar la base de datos podemos darnos cuenta de que hay varias observaciones que tiene mal ingresado los dato
8 Por lo que tomaremos la columna track_popularity (como sabemos que es un valor numerico entre 0-100) y transformare
8 de factor a numerico, por lo que todas las observaciones que no sean numeros se ingresara NA por defecto
data_pre$track_popularity <- as.numeric(as.character(data_pre$track_popularity))</pre>
```

## Warning: NAs introducidos por coerción

```
# Como generamos nuevos valores NA dentro de nuestra 8800, debemos volver a ejecutar el paso uno de la limpieza de da
data_pre <- data_pre %>%
  filter(!(is.na(track_popularity)))
# Eliminamos el patron <U que aparece en algunas observaciones en track_name y track_artist
data_pre <- data_pre[!grepl("<U",data_pre$track_name),]
data_pre <- data_pre[!grepl("<U",data_pre$track_artist),]</pre>
data_pre %>% count(duplicated(data_pre$track_name))
## duplicated(data_pre$track_name) n FALSE 12244 ## 2 TRUE 1623
# Como existen canciones repetidas realizamos la consulta para obtener los valores distintos, pero este hecho data_pre %5% distinct(track_name, _keep_all = TRUE, ) %5% head()
```

Una vez limpiados los datos, el siguiente paso en el pre procesamiento será escalar los datos pero antes debemos revisar los datos por si hay que transformar alguna variable

#### **Revisar Estructura Datos**

```
# Transformamos cada variables al tipo de variable que sale en el archivo .txt con la descripcion de cada una
  data_pre$track_id <- as.character(data_pre$track_id)
data_pre$track_name <- as.character(data_pre$track_name)
data_pre$track_artist <- as.character(data_pre$track_artist)
data_pre$track_album_id <- as.character(data_pre$track_album_id)
data_pre$track_album_name <- as.character(data_pre$track_album_name)
data_pre$playlist_name <- as.character(data_pre$playlist_name)
data_pre$playlist_name <- as.character(data_pre$playlist_iname)
data_pre$playlist_name <- as.character(data_pre$playlist_id)
data_pre$playlist_genere <- as.character(data_pre$playlist_genere)
data_pre$playlist_genere <- as.character(data_pre$playlist_senere)
   data_pre$danceability <- as.double(as.character(data_pre$danceability))</pre>
   ## Warning: NAs introducidos por coerción
   data_pre$energy <- as.double(as.character(data_pre$energy))
   ## Warning: NAs introducidos por coerción
   data_pre$key <- as.double(as.character(data_pre$key))</pre>
   ## Warning: NAs introducidos por coerción
   data_pre$loudness <- as.double(as.character(data_pre$loudness))
  ## Warning: NAs introducidos por coerción
data_pre$mode <- as.double(as.character(data_pre$mode))</pre>
## Warning: NAs introducidos por coerción
data_pre$speechiness <- as.double(as.character(data_pre$speechiness))</pre>
## Warning: NAs introducidos por coerción
data_pre$acousticness <- as.double(as.character(data_pre$acousticness))
## Warning: NAs introducidos por coerción
data_pre$instrumentalness <- as.double(as.character(data_pre$instrumentalness))</pre>
## Warning: NAs introducidos por coerción
data_pre$liveness <- as.double(as.character(data_pre$liveness))
## Warning: NAs introducidos por coerción
data_pre$valence <- as.double(as.character(data_pre$valence))</pre>
```

```
str(data_pre)
Separo Datos
                                   datanum <- data_pre %>%
                                    select(data_dou)
                                   ## Note: Using an external vector in selections is ambiguous.
## i Use 'all_of(data_dou)' instead of 'data_dou' to silence this message.
## is Eee chtps://tid/select.r-lib.org/reference/faq-external-vector.html>.
## This message is displayed once per session.
                                   datachar <- data_pre %>%
                                    select(data_char)
                                   ## Note: Using an external vector in selections is ambiguous.
## i Use 'all_of(data_char)' instead of 'data_char' to silence this message.
## i See Attps://tidyselect.n-lib.org/reference/faq-external-vector.html>.
## This message is displayed once per session.
                                 Escalar Datos
```

### Procesamiento de los Datos

#### **Clustering Jerarquico**

Escribe aquí para buscar

```
• Matriz de Distancias

#Distancia Euclideana
d = dist(data_sca, method = "euclidean")

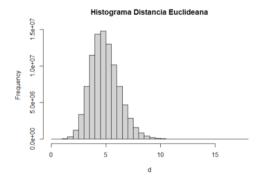
#Distancia Manhattan
d1 = dist(data_sca, method = "manhattan")

#Distancia Minkowski
d2 = dist(data_sca, method = "minkowski")

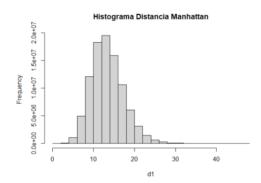
hist(d, main = "Histograma Distancia Euclideana")
```

터 🛅 🔄 🔒 🧿 😥 🔞 🤿 🗸

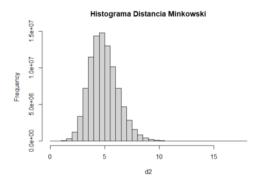
へ 偏 (小) ESP 22:17 日 18



hist(d1, main = "Histograma Distancia Manhattan")



hist(d2, main = "Histograma Distancia Minkowski")



### **Clustering Aglomerativo**

Utilizando la funcion de R base hclust, aplicamos hierarchical clustering, a partir de la matriz de distancias d, y utilizamos el criterio complete linkage

Complete Model

```
# Fijamos una seed para que cada vez que ejecutemos el codigo obtengamos los mismos valores y no vayan cambiado cada set.seed(370)

model_complete <- hclust(d, method = "complete")

summary(model_complete)

## Length Class Mode
## merge 27468 -none- numeric
## height 13734 -none- numeric
## order 13735 -none- numeric
## order 13735 -none- numeric
## alabels 0 -none- NULL
## method 1 -none- Cahracter
## dall 3 -none- call
## dist.method 1 -none- character
```

Ward Model

```
set.seed(370)
model_ward <- hclust(d, method = "ward.0")
summary(model_ward)</pre>
```

```
## Length Class Mode
## merge 27468 -none- numeric
## height 13734 -none- numeric
## order 13735 -none- numeric
## labels 0 -none- NULL
## method 1 -none- character
## dist.method 1 -none- character
```

Otra forma de hacer clustering jerarquico con la funcion agnes

```
fmodel_comag <- agnes(d, method = "complete")
fmodel_comag$ac

fmodel_wardag <- agnes(d, method = "ward.0")
fmodel_wardag$ac</pre>
```

Comparacion de los coeficientes de aglomeracion para cada metodo

```
models <- c("single", "complete", "average", "ward")
names(models) <- c("single", "complete", "average", "ward")

#models <- c("complete", "ward")
#mames(models) <- c("complete", "ward")

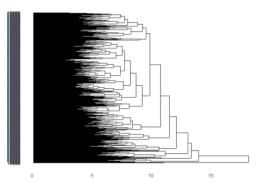
#agcoef <- function(x) {
# agmes(data_sca, method = x)$ac
#)
# sapply(models, agcoef)</pre>
```

Generamos un dendrograma para visualizar la jerarquia. La libreria 'ggdendro' permite hacer estos diagramas en una sintaxis equivalente a ggplot.

```
library("ggdendro")

## Warning: package 'ggdendro' was built under R version 4.0.5

ggdendrogram(model_complete, rotate = TRUE, theme_dendro = TRUE)
```



### Corte

```
## Determinamos un valor para h lo que nos entregara un valor distinto de k para cada h que escogamos, tambien podemos groups <- cutrec(model_complete, h = 10)

# Se imprimen los tamaños de cada cluster table(groups)

## groups

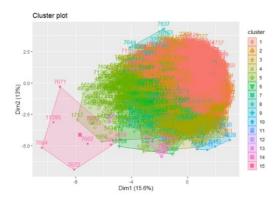
## groups

## 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15

## 9187 512 1585 908 385 748 210 61 55 36 23 9 1 7 8

## Generamos una nueva columna para almacenar a que cluster pertenece cada observacion (tanto en data_pre y datanum) data_prefclust <- as.factor(groups)

## Graficamos las observaciones agrupadas por su cluster fviz_cluster(list(data = data_sca, cluster = groups))
```



Caracteristicas de los clusters encontrados

```
## 10 130.67097 5,71512130
## 11 122.39196 3,55995870
## 12 94.18122 2,04640741
## 13 0.00000 0.06666667
## 15 111.77525 2,55107292
```

#### Filtremos por clusters con mas datos

```
# ler Cluster con mas datos
data_cl <- data_pre %5%
filter(data_pre$clust == 1)

# 2do Cluster con mas datos
data_c2 <- data_pre %5%
filter(data_pre$clust == 3)

# 3er Cluster con mas datos
data_c3 <- data_pre %5%
filter(data_pre$clust == 5)
```

#### Tomemos a c2

```
# Borramos la columna clust para escalar la datanum de c2
data_c2$clust <- NOLL

# Selecciono las variables numericas, se escalan las variables y se almacenan los datos en una tabla
datanumc2 <- data_c2 %5%
select(data_dou) %5%
scale() %5%
scale() %5%
as_tibble()
```

## **Clustering Divisivo**

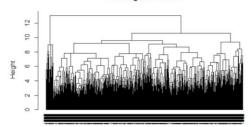
```
## Generamos un modelo divisvo mediante la funcion diana de clusters
modelo_div <- diana(datanumc2)

# Le pedimos el coeficiente de divisivilidad al modelo
modelo_div$dc

## [1] 0.8340419

## Graficamos nuestro dendrograma divisivo
pltree(modelo_div, cex = 0.8, hang = -1.5, main = "Dendrogram of diana")
```

## Dendrogram of diana



## **Cantidad Clusters**

```
# Para el caso divisivo le entregaremos el numero de clusters con los que queremos agrupar nuestros datos groupsc2 <- cutrec(modelo_div, k = 10)

# Se imprimen los tamaños de cada cluster table(groupsc2)

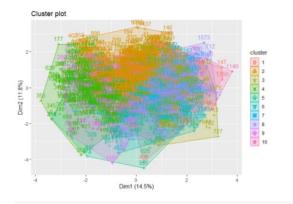
## groupsc2

## 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10

## 23 458 207 270 64 142 28 285 101 7

## Generamos una nueva columna para almacenar a que cluster pertenece cada observacion de data_c2 data_c2$clust <- as.factor(groupsc2)

## Graficamos las observaciones agrupadas por su cluster fviz_cluster(list(data - datamumc2, cluster = groupsc2))
```



# Generamos una nueva columna para almacenar a que cluster pertenece cada observacion de datanumc2 datanumc2\$clust <- as.factor(groupsc2)

#### Caracteristicas Clusters encontrados