**Cluster Hierárquico no R**

#Padronização dos dados

zclusterbussab = scale(ClusterBussab)

zclusterbussab

#Matriz de distâncias

d = dist(zclusterbussab, method = "euclidean")

#Cluster com ligação simples

res.hc1 <- hclust(d, method = "single")

#Dendrograma

plot(res.hc1, labels = c("A", "B", "C", "D", "E", "F"), cex = 0.6, hang = -1, main = "Dendograma Ligação simples", ylab = "Ponto de fusão")

#Pontos de fusão

res.hc1$height

#Cluster com ligação completa

res.hc2 <- hclust(d, method = "complete")

#Dendrograma

plot(res.hc2, labels = c("A", "B", "C", "D", "E", "F"), cex = 0.6, hang = -1, main = "Dendograma Ligação completa", ylab = "Ponto de fusão")

#Pontos de fusão

res.hc2$height

#Cluster com ligação centroide

res.hc3 <- hclust(d, method = "centroid")

#Dendrograma

plot(res.hc3, labels = c("A", "B", "C", "D", "E", "F"), cex = 0.6, hang = -1, main = "Dendograma Ligação centroide", ylab = "Ponto de fusão")

#Pontos de fusão

res.hc3$height

clustp = agnes(d, diss = TRUE)

plot(clustp, which.plots = 2)

**Exemplo K-means**

ExemploKmeans

#Padronização dos dados

zkmeans = scale(ExemploKmeans[-1])

zkmeans

#Matriz de distâncias

d = dist(zkmeans, method = "euclidean")

#Cluster com ligação completa

res.h1 <- hclust(d, method = "complete")

#Dendrograma

plot(res.h1, labels = c("A", "AG", "F", "CV", "CN", "P"), cex = 0.6, hang = -1, main = "Dendrograma Ligação Completa", ylab = "Ponto de fusão")

#K-means 3 grupos

(res.k <- kmeans(zkmeans, centers = 3))

plot(zkmeans, xlab = "Areia",

ylab = "Argila", pch = 16, col = res.k$cluster, cex = 1.5)

text(zkmeans[ ,1], zkmeans[,2], labels = c("A", "AG", "F", "CV", "CN", "P"),

pos = 4)

#K-means 2 grupos

(res.k2 <- kmeans(zkmeans, centers = 2))

plot(zkmeans, xlab = "Areia",

ylab = "Argila", pch = 16, col = res.k2$cluster, cex = 1.5)

text(zkmeans[ ,1], zkmeans[,2], labels = c("A", "AG", "F", "CV", "CN", "P"),

pos = 4)

**Exemplo com dados qualitativos** (dataset: DNominal)

#Entrada da matriz de dados binários

data(Dnominal)

#Matriz de distâncias de Sokal-Michener

ds <- dist.SM(Dnominal[-1])

ds

#

#Cluster com ligação simples

res.hcS <- hclust(ds, method = "single")

#Dendograma

plot(res.hcS, labels = c("A", "B", "C", "D", "E"), cex = 0.6, hang = -1, main = "Dendograma Ligação simples", ylab = "Ponto de fusão")

#Pontos de fusão

res.hcS$height

#Cluster com ligação completa

res.hcC <- hclust(ds, method = "complete")

#Dendograma

plot(res.hcC, labels = c("A", "B", "C", "D", "E"), cex = 0.6, hang = -1, main = "Dendograma Ligação completa", ylab = "Ponto de fusão")

#Pontos de fusão

res.hcC$height

#Cluster com ligação ward

res.hcW <- hclust(ds, method = "ward.D")

#Dendograma

plot(res.hcW, labels = c("A", "B", "C", "D", "E"), cex = 0.6, hang = -1, main = "Dendograma Ligação ward", ylab = "Ponto de fusão")

#Pontos de fusão

res.hcW$height

#Escolher melhor ligação por cofenética

# Single

res.single.coph <- cophenetic(res.hcS)

res.single.coph

paste("Cofenética ligação simples:", cor(ds, res.single.coph))

#Completa

res.complete.coph <- cophenetic(res.hcC)

paste("Cofenética ligação completa:", cor(ds, res.complete.coph))

#Ward

res.ward.coph <- cophenetic(res.hcW)

paste("Cofenética ligação Ward:", cor(ds, res.ward.coph))