grupo<-cutree(jer, k = 3): Se realiza un análisis de cluster utilizando la función cutree() con un objeto de clustering previamente generado (jer) y se especifica k=3 para indicar que se desea dividir los datos en tres grupos. El resultado se guarda en un objeto llamado grupo.

NDatos<-cbind(Datos,grupo): Se crea un nuevo objeto llamado NDatos que es una combinación de los datos originales (Datos) y la variable de cluster generada en el paso anterior (grupo). La función cbind() combina las dos matrices por columnas.

cluster<-NDatos$grupo: Se crea un objeto llamado cluster que contiene únicamente la variable de cluster (grupo) de NDatos.

sel.cluster1<-match(cluster,c(1),0): Se crea un objeto llamado sel.cluster1 que selecciona todas las filas de NDatos que pertenecen al cluster 1. La función match() devuelve una correspondencia de los elementos de cluster con el valor 1, y el valor 0 para aquellos que no lo son.

Datos.Cluster1<-NDatos[sel.cluster1>0,]: Se crea un nuevo objeto de datos llamado Datos.Cluster1 que contiene únicamente las filas de NDatos que pertenecen al cluster 1. La selección se realiza mediante un subíndice que toma las filas donde sel.cluster1 es mayor que cero (es decir, las que pertenecen al cluster 1).

dim(Datos.Cluster1): La función dim() devuelve las dimensiones (número de filas y columnas) de Datos.Cluster1. Este comando se repite para los otros dos grupos (Datos.Cluster2 y Datos.Cluster3).