



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE AGUASCALIENTES  
CURSO INTERSEMESTRAL: MACHINE Y DEEP LEARNING

ACTIVIDAD 1 05. CJ EN R(PRÁCTICA).

DOCENTE:

FRANCISCO JAVIER LUNA ROSAS

ALUMNO:

EMILIO LUNA PÉREZ, ID:244182

JUNIO-AGOSTO DE 2021

## Evidencias de la Practica

Defina el algoritmo CJ, explique el funcionamiento del algoritmo CJ e implemente el algoritmo CJ en R, el dataset que se utilizará, es el dataset visto en clase de notas escolares.

### CLUSTERING JERÁRQUICO

El Clustering jerárquico es un método de análisis de grupos puntuales, el cual busca construir una jerarquía de grupos. Los clusters se crean de manera que tengan un orden predeterminado, es decir, una jerarquía. Una ventaja adicional de este método es la posibilidad de obtener representaciones (basadas en árboles) de las observaciones, conocidas como dendogramas.

Algoritmo de clustering jerárquico en R

```
library(FactoMineR)
#
setwd("C:/Users/emili/Desktop/VACACIONES 2021/MACHINE LEARNING")
Datos <- read.table("EjemploEstudiantes.csv", header=TRUE, sep=";", dec=".", row.names=1)
Datos
#
modelo <- hclust(dist (Datos), method = "complete")
plot (modelo)
plot (modelo, hang = -1)
# la siguiente instrucción separa los clusteres usando 3
rect.hclust(modelo, k=3, border="red")
#
#method = "single" Usando la agregación del Salto Mínimo
modelo <- hclust(dist (Datos), method = "single")
plot(modelo)
plot (modelo, hang = -1)
rect.hclust(modelo, k=3, border="blue")
#method="single" Usando la agregación del Promedio
modelo <- hclust(dist (Datos), method = "average")
plot (modelo)
plot (modelo, hang = -1)
rect.hclust(modelo, k=3, border="green")
#method= "ward" Usando la agregación de ward
modelo <- hclust(dist (Datos), method= "ward.D")
plot (modelo)
plot (modelo, hang = -1)
rect.hclust(modelo, k=3, border="magenta")
```

Method=" Complete", usando la agregación del salto máximo

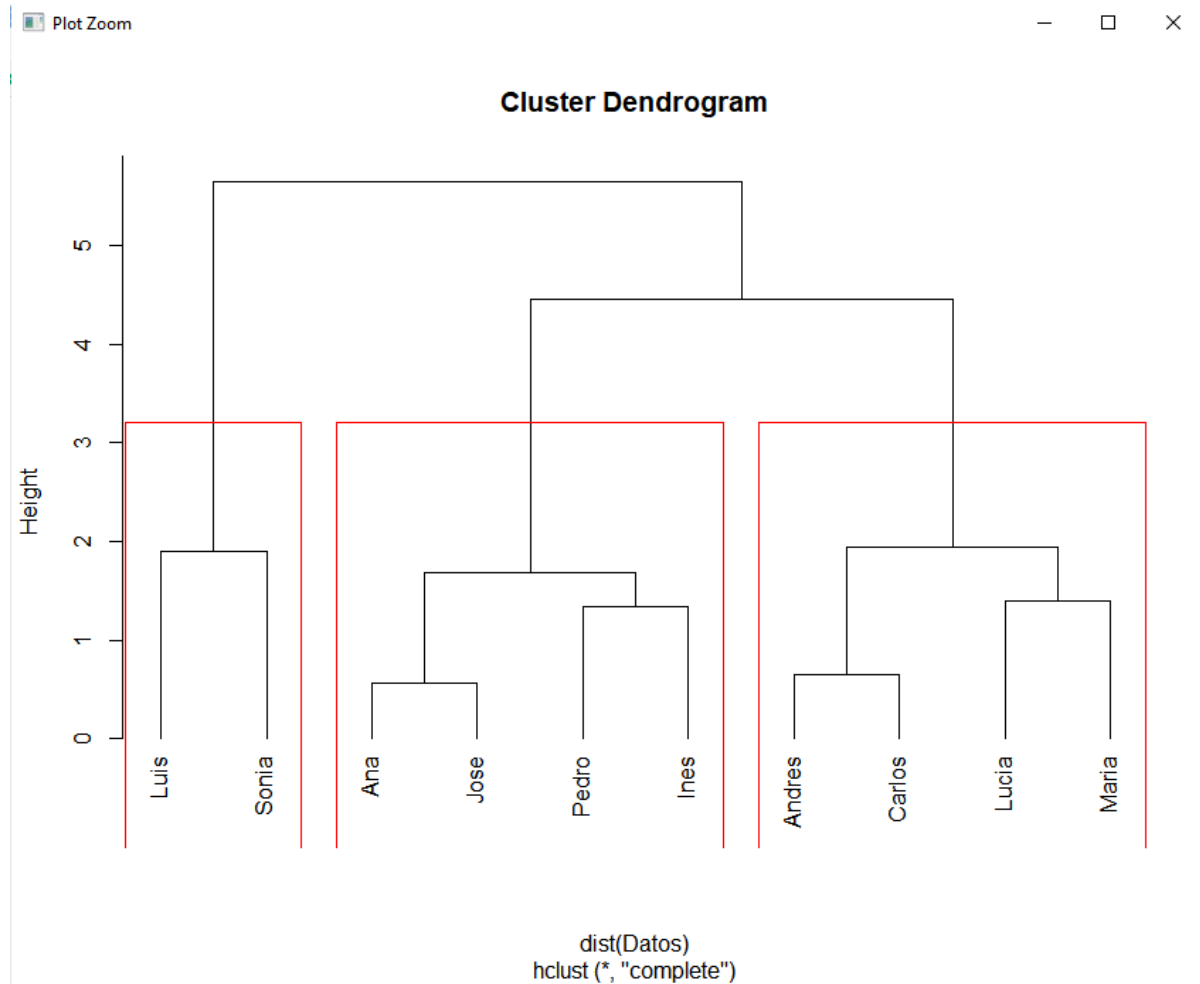
```
modelo <- hclust(dist (Datos), method = "complete")
```

```
plot (modelo)
```

```
plot (modelo, hang = -1)
```

# la siguiente instrucción separa los clusteres usando 3

```
rect.hclust(modelo, k=3, border="red")
```



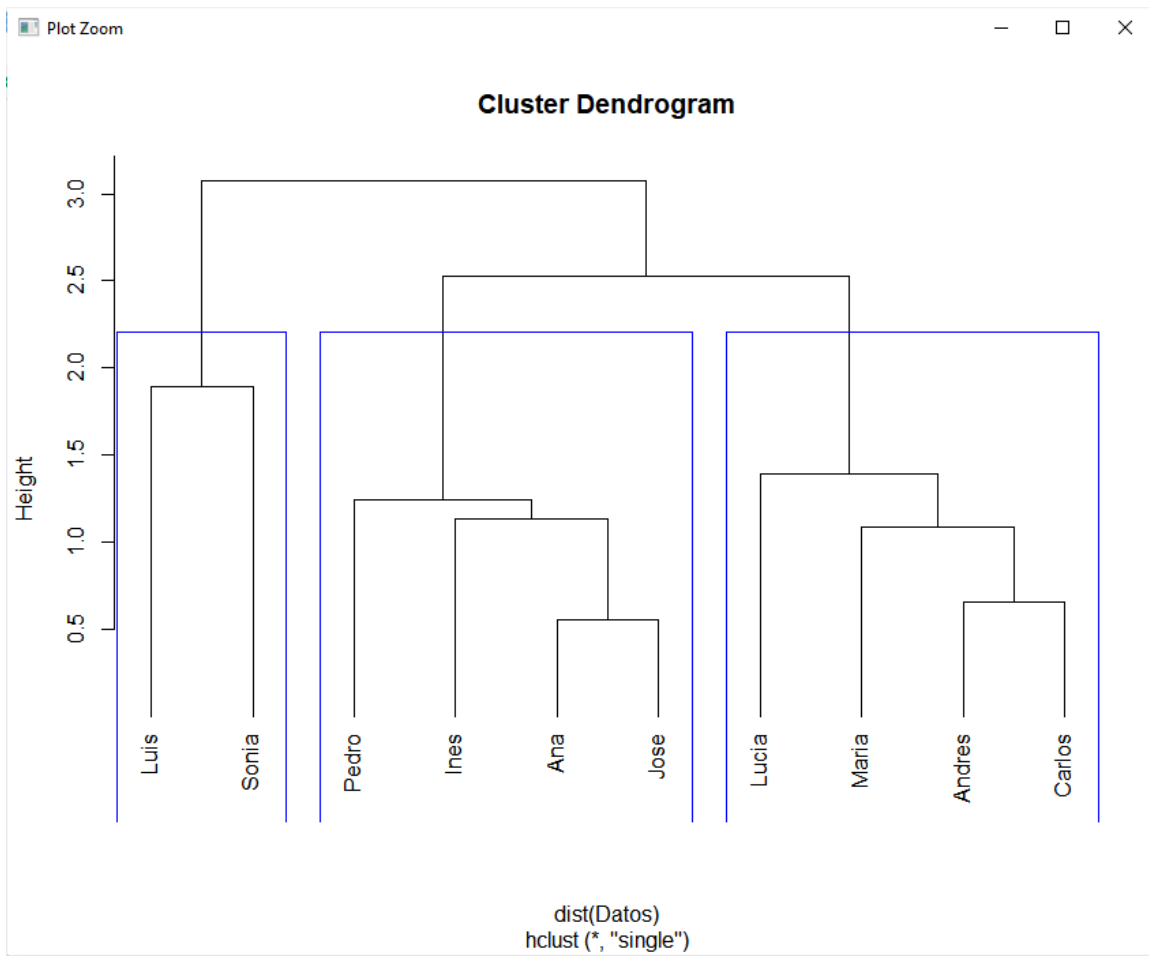
Method="single", Usando la agregación del Salto Mínimo

```
modelo <- hclust(dist (Datos), method = "single")
```

```
plot(modelo)
```

```
plot (modelo, hang = -1)
```

```
rect.hclust(modelo, k=3, border="blue")
```



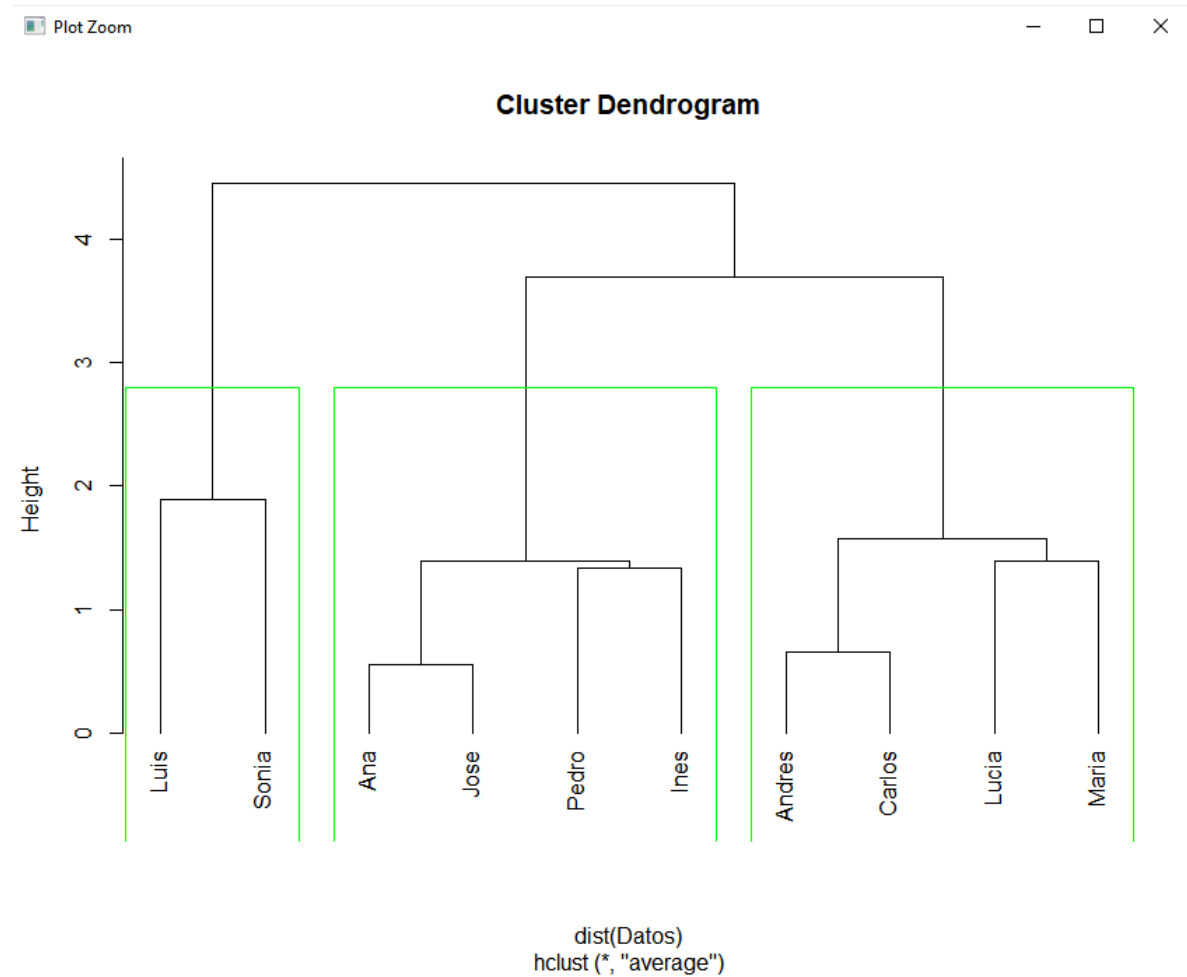
```
#method="single" Usando la agregación del Promedio
```

```
modelo <- hclust(dist (Datos), method = "average")
```

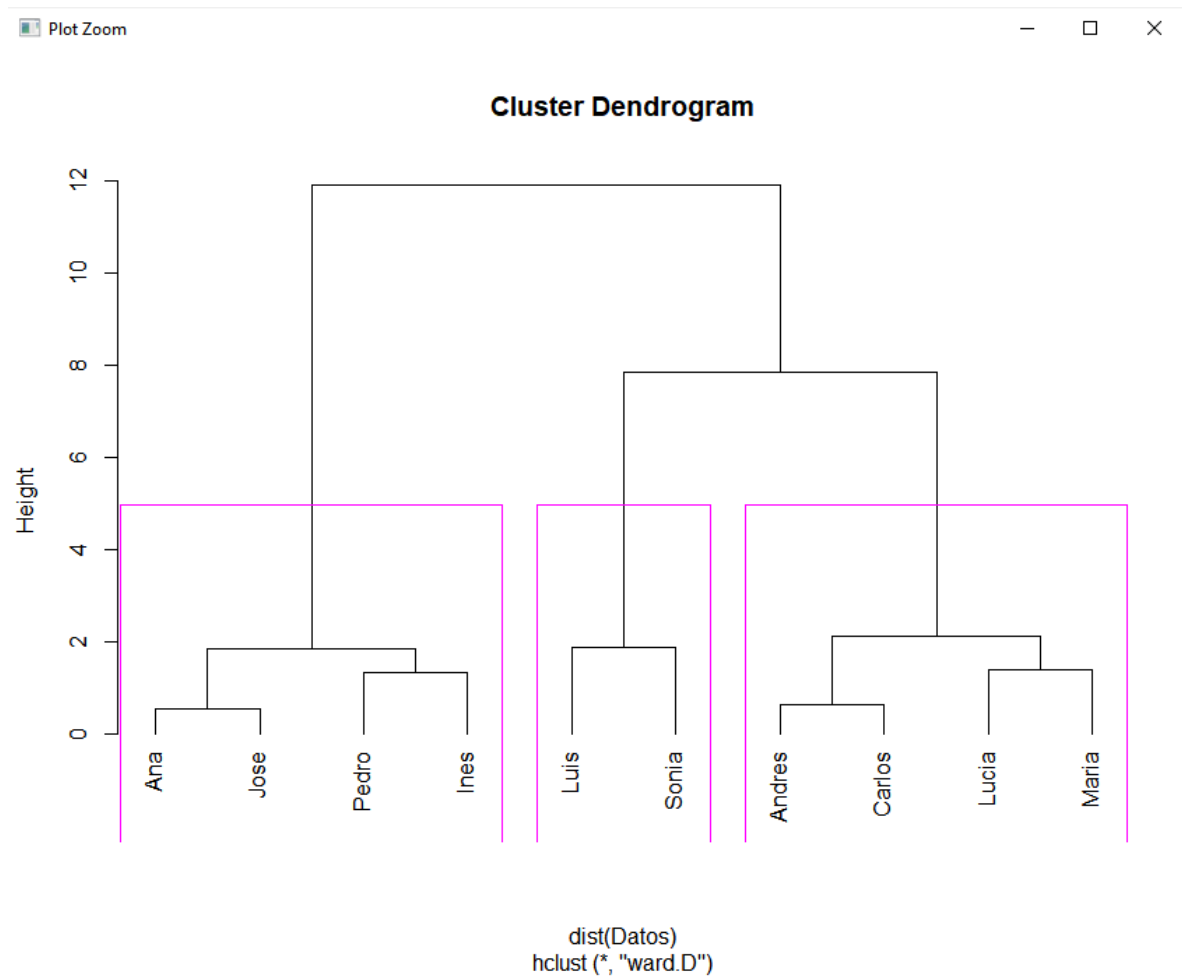
```
plot (modelo)
```

```
plot (modelo, hang = -1)
```

```
rect.hclust(modelo, k=3, border="green")
```



```
#method= "ward" Usando la agregación de Ward  
modelo <- hclust(dist (Datos), method= "ward.D")  
plot (modelo)  
plot (modelo, hang = -1)  
rect.hclust(modelo, k=3, border="magenta")
```



## Conclusiones

El clustering jerárquico que forma parte del aprendizaje no supervisado es una técnica para el análisis de datos, y personalmente a pesar de ser mas grafico pues usa dendrogramas, no me pareció tan sencillo de conceptualizar. También podemos destacar que su algoritmo conlleva un gran algoritmo matemático que personalmente me parecería difícil de implementar, pero gracias a la librería de FactoMiner lo podemos llevar a cabo de una manera fácil y sencilla.

## Referencias

Download R-4.1.0 for Windows. (2021). The R-project for statistical computing. Consultado en julio 28, 2021, de R-project.org Sitio web: <https://cran.r-project.org/bin/windows/base/>

Download the RStudio IDE. (2021). Consultado en julio 28, 2021, de Rstudio.com Sitio web: <https://www.rstudio.com/products/rstudio/download/>

Wikimedia. (2012). Método de análisis de datos. Consultado en agosto 3, 2021, de Wikipedia.org Sitio web: [https://es.wikipedia.org/wiki/Agrupamiento\\_jer%C3%A1rquico](https://es.wikipedia.org/wiki/Agrupamiento_jer%C3%A1rquico)