

```

# Base de Dados
database <- c(3,7,10,17,18,20)

d <- dist(database , method = "euclidean") # MATRIZ de DISTÂNCIAS
# DEVE SER UM DOS TIPOS:  "euclidean", "maximum", "manhattan",
#                          "canberra", "binary" or "minkowski"
#                          Any unambiguous substring can be given
print(d)

# Hierarchical Methods:
#       average, centroid, complete, median, single, ward and weighted
# O "ward" MÉTODO FOI RENOMEADO PARA "ward.D"; E HÁ UM NOVO "ward.D2"

# Ward Hierarchical Clustering
fit <- hclust(d, method="ward.D2")

# Single Hierarchical Clustering
fit <- hclust(d, method="single")

# Apresenta o Dendograma (Árvore)
plot(fit,main="Agrupamento Hierárquico Aglomerativo",xlab="Clientes",ylab="Distância",cex=1.1,cex.lab=1.1) # display dendogram

grupos2 <- cutree(fit, k=2)      # Corta a Árvore em 2 clusters...K=2
grupos3 <- cutree(fit, k=3)      # Corta a Árvore em 3 clusters...K=3
grupos4 <- cutree(fit, k=4)      # Corta a Árvore em 4 clusters...K=4
grupos2
grupos3
grupos4

# Desenha o Dendograma com bordas vermelhas em torno dos clusters
plot(fit,main="Agrupamento Hierárquico Aglomerativo",xlab="Clientes",ylab="Distância",cex=1.1,cex.lab=1.1) # display dendogramrect.hclust(fit,
k=2, border="red")
rect.hclust(fit, k=2, border="red") # em torno de 2 Clusters
grupos2

plot(fit,main="Agrupamento Hierárquico Aglomerativo",xlab="Clientes",ylab="Distância",cex=1.1,cex.lab=1.1) # display dendogram
rect.hclust(fit, k=3, border="red") # em torno de 3 Clusters
grupos3

plot(fit,main="Agrupamento Hierárquico Aglomerativo",xlab="Clientes",ylab="Distância",cex=1.1,cex.lab=1.1) # display dendogram
rect.hclust(fit, k=4, border="red") # em torno de 4 Clusters
grupos4

```