

# Taxonomía numérica

Álvaro Chaos Cador

April 25, 2023

Con la matriz básica de datos del grupo haz lo siguiente:

Construye el fenograma del grupo con el índice de Jaccard y el ligamiento promedio. (1 punto)

Si obtuviste más de un fenograma, construye el fenograma de consenso estricto. (1 punto)

Debes entregar el primer fenograma y, en caso de haber más de un fenograma, el fenograma consenso.

La escala del primer fenograma debe ir de 0 a 1 (1 punto), para facilitar su lectura y las asociaciones de las UTO.

Contesta las preguntas siguientes, si obtuviste más de un fenograma, hazlo a partir del primer fenograma excepto para el punto 3:

1. ¿Cuáles son las dos UTO más similares (asociadas) del grupo? (1 punto)
2. ¿Cuál es su índice de asociación? 1 (punto)
3. Si obtuviste más de un fenograma, ¿se conserva ese grupo en todos los fenogramas? (1 punto)
4. ¿Cuál es tu índice de asociación con Álvaro (si estás en equipo, contéstala para un integrante nada más)? (1 punto)
5. ¿Cuál es tu índice de asociación con Valeria (si estás en equipo, contéstala para un integrante nada más)? (1 punto)
6. Haz los fenones al 50 % de asociación y menciona cuántos fenones se producen. (1 punto)

Todo debe entregarse de forma clara, de manera que sea fácil de entenderse, con la marca que delimita los fenones (1 punto), en un archivo PDF con el nombre de los integrantes. Sólo una persona del equipo debe entregar la tarea.

# NTSys

Álvaro Chaos Cador  
NTSys versión 2.02

## Archivo

Matriz básica de datos: Siste2023-2.nts.

El NTSys te va informando todo lo que vas haciendo y todo lo que va calculando en una ventana independiente que se llama *Report listing*.

## Calcular la matriz de similitudes con el índice de Jaccard

*Similarity*  
*Simqual*  
*Input file:* \_\_\_\_\_  
Selecciona: *By rows*  
*Coefficient: J*  
*Output file:* \_\_\_\_\_  
*Compute*

## Construir el fenograma con el ligamiento promedio

*Clustering*  
*SAHN*  
*Input file:* \_\_\_\_\_  
*Output file:* \_\_\_\_\_  
*Clustering method: UPGMA*  
*In case of ties: FIND*  
*Compute*

## En caso de que haya más de un fenograma, construir el fenograma consenso

*Clustering*  
*Consen*  
*Input tree 1 file:* \_\_\_\_\_  
*Consensus method: Strict*  
*Output tree file:* \_\_\_\_\_  
*Compute*

## Opciones de dibujo (colores, escala, grosor, etc) del fenograma

En la ventana de *Tree plot*

*Options*

*Plot options*

Para las líneas de referencia:

*X Axis*

*Reference lines*

Para guardar el fenograma:

*File*

*Save metafile*

## Ver el fenograma directamente

*Graphics*

*Tree plot*

*Input file:\_\_\_\_\_*

*Compute*