

Boa tarde pessoal,

Hoje vamos analisar dados morfométricos de 8 espécies de aves do gênero *Elaenia*, medidas na coleção do Museu Americano de História Natural em NY, por Cristine e Roberto Cavalcanti em 1985,

As espécies são:

E. flavogaster, *E. spectabilis*, *E. parvirostris*, *E. albiceps*, *E. chiriquensis*, *E. mesoleuca*, *E. cristata*, *E. obscura*

As medidas são, em milímetros:

Comprimento total do bico, altura do bico, largura do bico, comprimento da asa, comprimento do tarso-metatarso, comprimento da cauda, comprimento do bico.

Além disto a planilha inclui as variáveis identidade de sexo (macho, fema, nao identificado) e nome da espécie, além de alguns outros códigos que não são usados.

Primeiro vamos importar para o R e converter para um dataframe

Depois vamos usar o comando `rowname` para dar a cada linha o nome da espécie e o número do indivíduo - usem para isto a variável `rowcode` e atribuam o `rowname` com esta variável.

Em seguida vamos retirar as linhas que contém dados ausentes usando o comando `na.omit`

Em seguida vamos eliminar do dataframe as variáveis que não iremos utilizar para a análise de agrupamento, deixando só as variáveis métricas das medidas acima. Retirem as demais usando o comando `subset` com a chave `select` para escolher as variáveis:

```
df <- subset(df, select = -c(a, c))
```

Onde `df` é o nome do dataframe, e `a` e `c` são exemplos de variáveis a remover. No nosso caso tem cerca de 5 variáveis para retirar. Tem 2 variáveis de comprimento de bico (comprimento e comprimento total, deixem apenas o comprimento total)

Agora vamos fazer uma análise de cluster. Escolham a medida de similaridade/distancia, e o algoritmo de agregação, baseado nas recomendações da literatura.

Bom trabalho!

