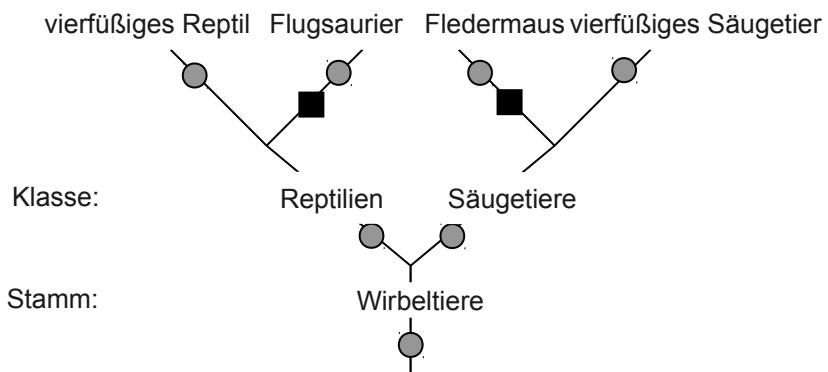


1. Gib für die Begriffe **A** "Homologie" und **B** "Analogie" jeweils zwei deutsche Synonyme an:

A: _____

B: _____

- 2.1 Im folgenden Stammbaumbeispiel werden die beiden Gruppen Flugsaurier und Fledermaus jeweils bezüglich der beiden Merkmale (1) zu Flügeln umgewandelte Vorderextremitäten ■ und (2) Grundbauplan der Vorderextremitäten ○ miteinander verglichen.



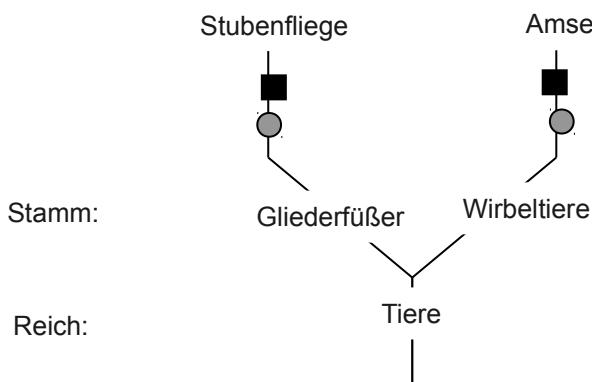
Begründe kurz mit Hilfe des Stammbaumbeispiels, für jedes Merkmal getrennt, ob es sich um ein homologes oder um ein analoges Merkmal handelt:

Merkmale (1):

Merkmale (2):

- 2.2 Begründe stichpunktartig, wie man allgemein das Vorliegen einer Homologie begründet.
(Ein einfaches Ausschließen einer Analogie reicht hierfür nicht aus!)
Wende dies anschließend auf ein geeignetes Merkmal aus Aufgabe 2.1 an!

3. Im folgenden Stammbaumbeispiel werden die beiden Arten Stubenfliege und Amsel jeweils bezüglich der beiden Merkmale (1) Flügel und (2) Grundbauplan der Vorderextremitäten miteinander verglichen.



Begründe kurz mit Hilfe des Stammbaumbeispiels, für jedes Merkmal getrennt, ob es sich um ein homologes oder um ein analoges Merkmal handelt:

Merkmal (1):

Merkmal (2):

4. Gegeben sind die Vorderextremitäten der folgenden Tiere von **C** bis **L**.

4.1 Ergänze zunächst mit Hilfe des Lernprogramms "Systematiker" die fehlenden Angaben zur Verwandtschaft auf der Ebene der Ordnung.

4.2 Suche mit Hilfe der Google-Bildersuche z.B. nach den Suchbegriffen "Vorderextremitäten", "Insektenbein", "Femur+Coxa+Tibia+Tarsus+Insekt", "Beintypen" oder auch kombiniert mit den angegebenen Tiernamen. Ergänze nun den jeweiligen Beintyp bezüglich seiner Funktion.

	Tier	Stamm	Klasse	Ordnung	Beintyp
C	Mensch	Wirbeltiere	Säugetiere	Primate	
D	Pferd				
E	Maulwurf				
F	Delphin				
G	Pinguin		Vögel		
H	Fischsaurier		Reptilien		
I	Laufkäfer	Gliederfüßer	Insekten		
J	Maulwurfsgrille				
K	Gelbrandkäfer				
L	Laus				

- 4.3 In der folgenden Übersicht werden verschiedene Kombinationen **M** bis **U** bezüglich verschiedener Merkmale miteinander verglichen. Ordne jeweils zu, ob die beiden angegebene Beine bezüglich des angegebenen Merkmals homolog oder analog sind.

	Vergleich der Vorderextremität von	bezüglich des Merkmals	Analog	Homolog
M	Mensch-Pferd	Grundbauplan	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>
N	Pferd-Maulwurf	Grundbauplan	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>
O	Delphin-Pinguin	Grundbauplan	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>
P	Pferd-Laufkäfer	Laufbein-Form	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>
Q	Maulwurf-Maulwurfsgrille	Grabbein-Form	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>
R	Pinguin-Gelbrandkäfer	Flossen/Schwimmbein-Form	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>
S	Delphin-Pinguin	Flossen-Form	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>
T	Delphin-Fischsaurier	Flossen-Form	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>
U	Laus-Gelbrandkäfer	Grundbauplan	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>

Welche verwandtschaftliche Voraussetzung ist notwendig, damit die Grundbaupläne zweier Tierarten zueinander homolog sind?

5. Gib mit Hilfe des Programms für die drei Homologiekriterien jeweils ein Beispiel auf anatomisch-morphologischer Ebene an und begründe für dieses Beispiel, warum es das jeweilige Homologiekriterium erfüllt.

a) Kriterium der _____:

b) Kriterium der _____:

c) Kriterium der _____:

Zusatzaufgabe zur Medienkompetenz - Bildersuche:

Finde mit Hilfe der Google-Bildersuche passende und verwandte Abbildungen zu den gewählten Beispielen. Setze dazu den Link nach folgender Anleitung zusammen:

Name des Servers:

<http://google.de/search>

Liste der Übergebenen Parameter beginnt mit:

?

Parameter-Wert-Paare haben jeweils die Form:

Parameter=Wert

mehrere werden getrennt mit:

&

Mögliche Parameter

mit Beispiel-Werten (Auswahl):

- Nur Bilder
- Sprache

tbm = isch
hl = de
en

- Suchbegriff(e)

q = Homologie
Homologie+Analogie
"Kriterium der Lage"

- Eingrenzen des Bildtyps:

- Nur Schwarz-Weiß:
- Nur bestimmter Dateityp:
- Nur freie Lizenz:

tbs = ic:gray
tbs = ift:png
tbs = iur:f

Ein möglicher Einstiegs-Suchlink sähe also z.B. so aus:

<http://google.de/search?tbm=isch&q=Homologie+Analogie&tbs=ic:gray>

Bildsuche

Suchbegriff(e)

nur Graustufen

6. Gib mit Hilfe des Programms für die drei Homologiekriterien jeweils ein Beispiel auf Verhaltensebene an und begründe für dieses Beispiel, warum es das jeweilige Homologiekriterium erfüllt.

a) Kriterium der _____:

b) Kriterium der _____:

c) Kriterium der _____:

7.

Infotext 1: Evolution der Wale

Allgemein anerkannt ist, dass die Vorfahren der Cetaceen (Wale) urtümliche Huftiere waren. Die meisten Forscher sind sich auch einig, dass die nächsten Verwandten der Wale unter den heutigen Landtieren bei den Paarhufern zu finden sind (zu denen neben Flusspferden z.B. Rinder, Schweine und Kamele gehören).

Im frühen Eozän (vor ca. 56 bis 48 Millionen Jahren) lebte der rund 4 Meter lange *Ambulocetus* ("gehender Wal"). Seine Schwimmtechnik nahm eine Mittelstellung zwischen der von Landsäugetieren und der heutiger Wale ein: Landsäugetiere paddeln im Wasser in der Regel abwechselnd mit allen vier Beinen. *Ambulocetus* paddelte wohl nur noch mit den Hinterbeinen. Zusätzlichen Vortrieb konnten ihm wellenförmige Auf- und Abwärtsbewegungen des Rumpfes und des Schwanzes liefern. Die Vorderbeine hatten wahrscheinlich nur eine Steuerfunktion. Er lebte an der Küste und fraß große Fische sowie aquatische Reptilien. In den Mündungsbereichen der Flüsse griff er vermutlich auch trinkende Landsäugetiere an. Dazu legte er sich im Wasser auf die Lauer, so dass kaum mehr als seine hoch angesetzten Augen über die Wasserfläche emporragte. Aus dem Hinterhalt stürzte er sich dann auf sein Opfer.

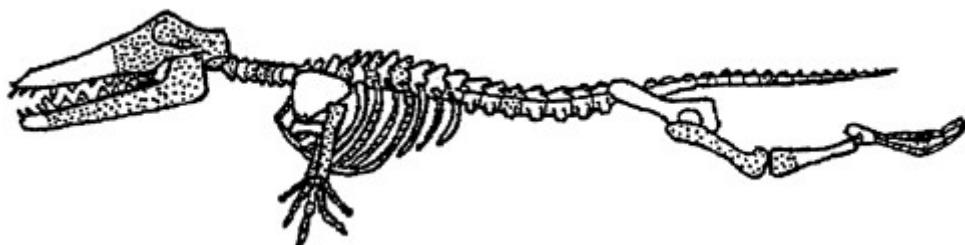


Abb. 1: Rekonstruktion des Skeletts von *Ambulocetus* (in Schwimmhaltung)

Ebenfalls im frühen Eozän (vor ca. 56 bis 48 Millionen Jahren) lebte der *Pakicetus* (Fundort: Pakistan, Cetacea="Wale"). Er war ein wolfsgroßes Geschöpf, das semiaquatisch an Land und in flachen Gewässern lebte. Sein Schädel zeichnete sich durch eine nach vorn verlängerte Schnauze aus. Die Funde von *Pakicetus* stammen aus mündungsnahen Flussablagerungen.

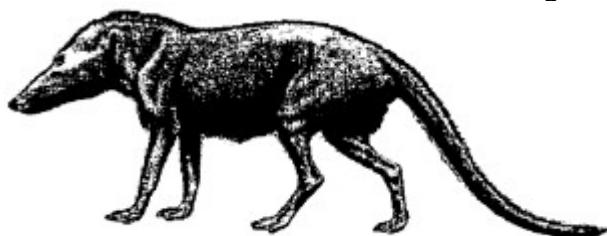


Abb. 2: Rekonstruktion des Erscheinungsbildes von *Pakicetus*

Im späten Eozän (vor ca. 41 bis 35 Millionen Jahren) lebte der *Basilosaurus* ("Königsechse"). Er lebte im Meer, hatte einen 1,5 m langen Schädel und wurde insgesamt bis zu 20 m lang. Er besaß komplett, aber winzige Hüften, ein mobiles Knie und einige Zehen. Etwa zeitgleich mit dem *Basilosaurus* lebte der etwas kleinere, eng mit diesem verwandte *Dorudon*.

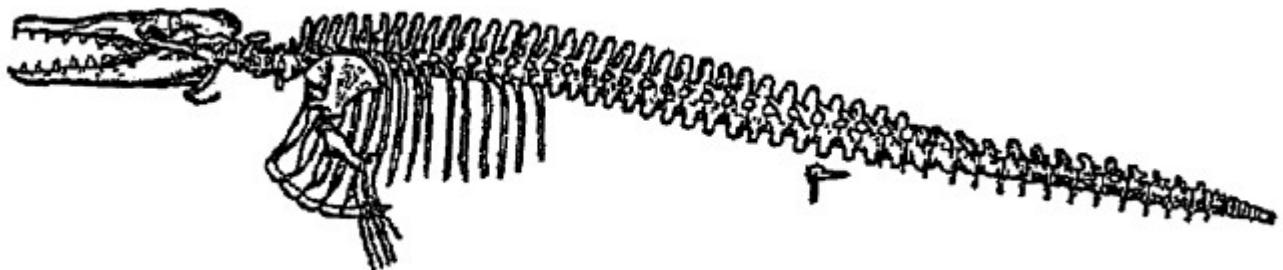


Abb. 3: Rekonstruktion des Skeletts von *Basilosaurus*

Der heutige Blauwal (*Balaenoptera musculus*) gehört zur Gruppe der Bartenwale. Typische Kennzeichen aller Bartenwale sind ihr mächtiger Kopf mit einer geräumigen Mundhöhle und der Besitz von Barten anstelle von Zähnen. Barten sind lange, biegsame, an der Innenkante ausgefranste Hornplatten, die auf beiden Seiten des Riesenmauls dicht an dicht vom Gaumendach herunterhängen. Im Gegensatz zu Zähnen, die direkt in den Kieferknochen eingebettet sind und aus Dentin bestehen, sitzen die Barten nicht unmittelbar dem Kieferknochen auf. Die Barten bilden einen effektiven Filterapparat, mit dem die Tiere Zooplankton und gelegentlich auch kleinere Schwarmfische aus dem Meerwasser heraussieben. Eine Abbildung zum Skelett des Blauwals findet sich im Homologer im Kapitel Morphologie.

[Quelle **Infotext 1, Abb. 1 bis 3:**

http://www.cetacea.de/palaeocetologie/indopakistan/indopak_01.php]

Die morphologische Anpassung an das Filtrieren sieht zunächst so aus, dass die Backenzähne weit voneinander entfernt stehen, ihre Nebenspitzen aber sehr stark ausgeprägt werden. Dadurch entsteht eine Art Gitter, das für die neue Form der Nahrungsaufnahme besonders geeignet ist. Dieses Stadium findet sich bei dem 34 Millionen Jahre alten Llanocetus denticrenatus von der Seymour-Insel, östlich des Nordzipfels der antarktischen Halbinsel, mit der die Antarktis sich in Richtung Südamerika streckt.

[Quellen:

<http://www.cetacea.de/palaeocetologie/mysticeti/index.php>
<http://www-personal.umich.edu/~gingeric/PDGwhales/Whales.htm>
http://tsjok45.multiply.com/photos/album/2_whale_evolution_
<http://sysbio.oxfordjournals.org/content/58/6/573.full>]

Während heutige Landhuftiere von Vertretern der Ordnung Tierläuse aus der Klasse der Insekten befallen werden, parasitieren auf Wale Vertreter der Familie der Walläuse, die zur Ordnung der Flohkrebse und zur Klasse der Höheren Krebse gehören.

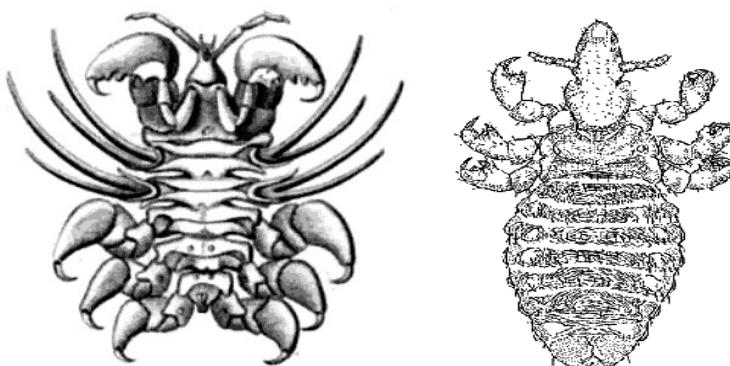


Abb. 4: Links Wallaus (*Cyamus ovalis*), rechts Pferdelaus (*Haematopinus asini*)

[Quellen: <http://de.wikipedia.org/wiki/Walläuse>
<http://www.ento.csiro.au/education/insects/phthiraptera.html>]

Aufgaben:

- 7.1 a) Erstelle mit Hilfe des Materials einen vereinfachten Stammbaum der Wale und gehe dabei auf evolutive Trends sowie die jeweiligen Veränderungen an den Verzweigungspunkten ein.

- b) Begründe anschließend genau, inwiefern es problematisch ist, falls dabei eine lineare Abfolge, hin zu einem scheinbaren Ziel suggeriert wird.

- c) Gib zwei weitere häufig behandelte Abstammungsreihen mit den wichtigsten dort betrachteten Merkmalen an, bei denen genau dieser gedankliche Fehler ebenfalls nicht gemacht werden darf! Welcher Hinweis darauf ist bereits im Text enthalten?

- 7.2 Recherchiere eine radiologische Methode, die zur Altersbestimmung der Basilosaurus-Fossilien geeignet wäre. Schließe gegebenenfalls andere radiologische Methoden begründet aus.

- 7.3 Begründe genau, ob es sich bei den Barten des Blauwals und den Zähnen heutiger Zahnwale um eine Homologie handelt.

- 7.4 Finde mit Hilfe des Arbeitshefts zu den Wirbeltieren (<http://kronberg-gymnasium.de> > Fächer > Naturwissenschaften > Natur und Technik mit Informatik > Unterrichtsmaterial > 5. und 6. Jahrgangsstufe) den Namen eines heute lebenden Tieres heraus, welches die gleiche Jagdstrategie benutzt wie der *Ambulocetus*. Gib stichpunktartig die entsprechenden körperlichen Anpassungen an und begründe, ob es sich hier um eine analoge oder um eine homologe Verhaltensweise handelt.

- 7.5 Begründe, ob es sich bei den Tierläusen der Huftiere und den Walläusen um eine Homologie oder eine Analogie handelt. Gehe dabei auf typische Anpassungen der jeweiligen Ektoparasiten ein.

- 7.6 Begründe kurz, welche Homologiekriterien für den zurückgebildeten Beckengürtel des Blauwals zutreffen.

- 7.7 Begründe stichpunktartig, ob es sich bei der Schwanzflosse des Blauwals sowie der des [Walhais](#) (*Rhincodon typus*) – dem größten Fisch der Gegenwart – um eine Homologie handelt.

- 8 Begründe mit Hilfe der folgenden Abbildung, ob es sich bei der Seepocke (Adultstadium links unten) um einen Vertreter aus dem Unterstamm der Krebstiere handelt. Trage in die Abbildung die Achse für die Individualentwicklung ein und beschriffe mit dem entsprechenden Fachbegriff.

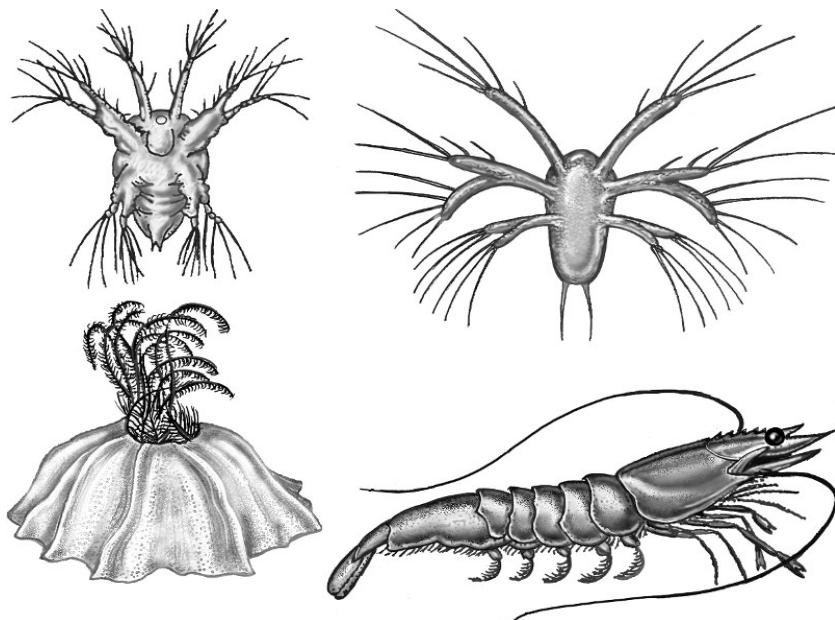


Abb. 5: Nauplius-Larven (oben), Seepocke (unten links)

[Quelle: Linder Biologie Gesamtband, 22. Auflage, H. Bayrhuber, U. Kull, H. Linder, Schroedel; Auflage: 22., neu bearb. A. (1. Januar 2005), S. 464, Abb. 464.2]

Zum Weiterlesen: <http://darwin-online.org.uk> > On the Origin of Species >

Embryology, Chapter XIII, Page 440

<http://darwin-online.org.uk/content/frameset?viewtype=side&itemID=F373&pageseq=458>

- 9 Erläutere mit Hilfe des Programms sowie der folgenden Abbildung, welche Schlussfolgerungen man aus dem Chromosomenvergleich von Mensch und Schimpanse ziehen kann. Gehe dabei auch auf die Problematik einer Hybridbildung ein.

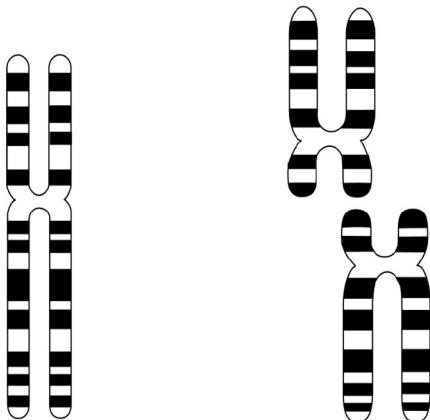


Abb. 6: Chromosom 2 des Menschen (links) und die Chromosomen 2 und 3 des Schimpansen (rechts)

[Quelle: Linder Biologie Gesamtband, 22. Auflage, H. Bayrhuber, U. Kull, H. Linder, Schroedel; Auflage: 22., neu bearb. A. (1. Januar 2005), S. 495, Abb. 495.2]

- 10 Vorbemerkung:

Traditionell wurden Vögel vorrangig nach morphologischen Gesichtspunkten eingeordnet. Später musste diese Einordnung dann häufig aufgrund von Homologien auf molekularer Ebene revidiert werden. Das erste Verfahren war hier zunächst die DNA-DNA-Hybridisierung. Später wurden dann mehrere nichtkodierende DNA-Sequenzen verglichen ("Multilokus-Vergleich") und jüngst auch komplett mitochondriale DNA-Sequenzen. Im Verlauf dieser Entwicklung wurde deutlich, dass morphologische Erkenntnisse auch weiterhin benötigt werden, (1) um die molekulare Uhr zu eichen und (2) gemeinsam mit Erkenntnissen aus der Biogeographie die letztlich auf Wahrscheinlichkeiten beruhenden molekularen Stammbäume zu überprüfen.

Die folgenden Teilaufgaben betrachten gewissermaßen "Schnapschüsse" dieser Erkenntnisse und sollten zum selbständigen Literaturstudium der angegebenen Artikel anregen.

- 10.1 "Die Geier der Alten Welt sind nahe mit Habichten und Adlern verwandt. Die Neuwelt-Geier – Kondore sowie Truthahn- und Rabengeier – ähneln oberflächlich betrachtet den Altwelt-Geiern. Beide Gruppen sind Aasfresser und werden gewöhnlich in die Ordnung Falconiformes (Greifvögel) gestellt. Die Neuwelt-Geier haben jedoch viele morphologische Merkmale mit den Störchen gemein, und einige Systematiker haben daraus gefolgert, dass Neuwelt-Geier und Störche in eine Ordnung gehören. [...] Der DNA-Vergleich stützt die vernachlässigten morphologischen Hinweise und zeigt, dass Neuwelt-Geier und Störche die jeweils nächsten lebenden Verwandten für einander darstellen und vor 35 bis 40 Millionen Jahren aus einem gemeinsamen Vorfahren hervorgegangen sind." [1]

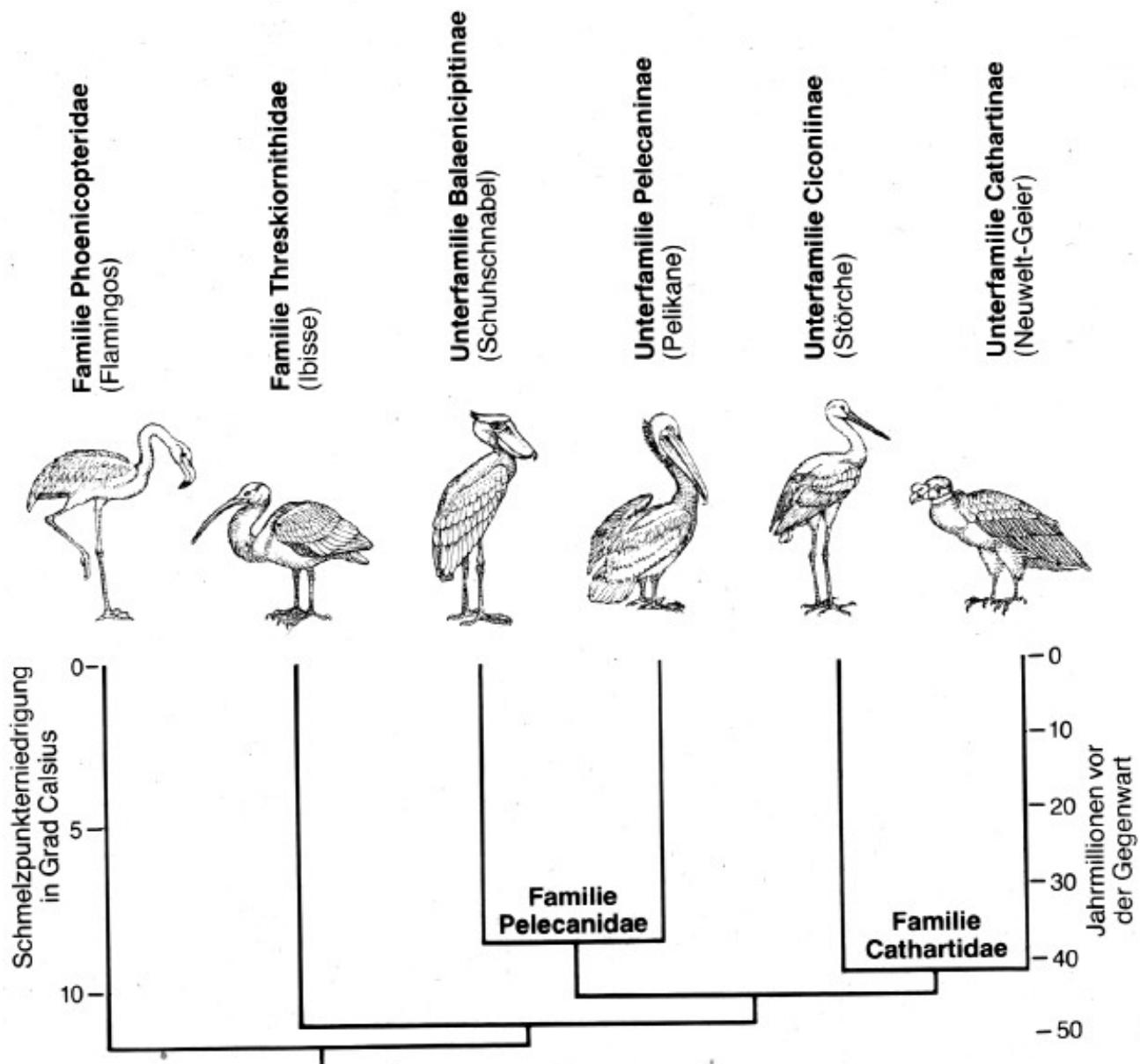


Abb. 7: Aus dem Ergebnis der DNA-DNA-Hybridisierung abgeleiteter Stammbaum [1]

Ein typisches Merkmal aller Geier ist eine Halskrause, aus der ein langer nackter oder kurzbefiederter Hals ragt.

Begründe ob es sich bei diesem Merkmal bei den Altwelt- und den Neuwelt-Geiern um eine homologes oder um ein analoges Merkmal handelt. Gib mit Hilfe der Vorbemerkung an, auf welcher Betrachtungsebene und mit Hilfe welcher Untersuchungsmethode diese Ergebnisse gewonnen wurden.

- 10.2 "Von den rund 9000 Vogelarten, die unserer Erde bevölkern, werden allein ungefähr 5300 in der Ordnung Passeriformes (Sperlingsvögel) geführt. Sie umfasst die Fliegenschnäpper, Grasmücken, Drosseln, Sperlinge, Stare, Zaunvögel, Schwalben, Lerchen, Rabenvögel und andere im allgemeinen kleine Arten. [...] Der andere Zweig der Sperlingsvögel, die Unterordnung Passeres, umfasst ungefähr 4000 der 5300 Arten dieser Ordnung. DNA-Vergleiche ergaben, dass die Passeres aus zwei Hauptgruppen bestehen, die wir als Kleinordnungen Passerida und Corvida bezeichnen. Diese beiden Linien haben sich vor 55 bis 60 Millionen Jahren voneinander abgespalten. Den Indizien nach sind die Passerida in Afrika, Eurasien und Nordamerika entstanden, die Corvida dagegen in Australien. Vor 60 bis 30 Millionen Jahren, im Alt- und Mitteltertiär, war Australien von allen anderen Landmassen isoliert. Die Corvida brachten dort viele morphologisch und ökologisch hochspezialisierte Formen hervor, die Grasmücken, Fliegenschnäpfern, [...] entsprechen – alles Formen ganz ähnlich jenen, die aus den Passerida in anderen Erdteilen entstanden sind. [...] So ordnete man die grasmückenähnlichen australischen Sperlingsvögel, die Südsee-Grasmücken, den Sylviidae (den eigentlichen Grasmücken also) zu, die Südseeschnäpper den Muscicapidae (den afro-eurasischen Fliegenschnäppern) [...]." [1]

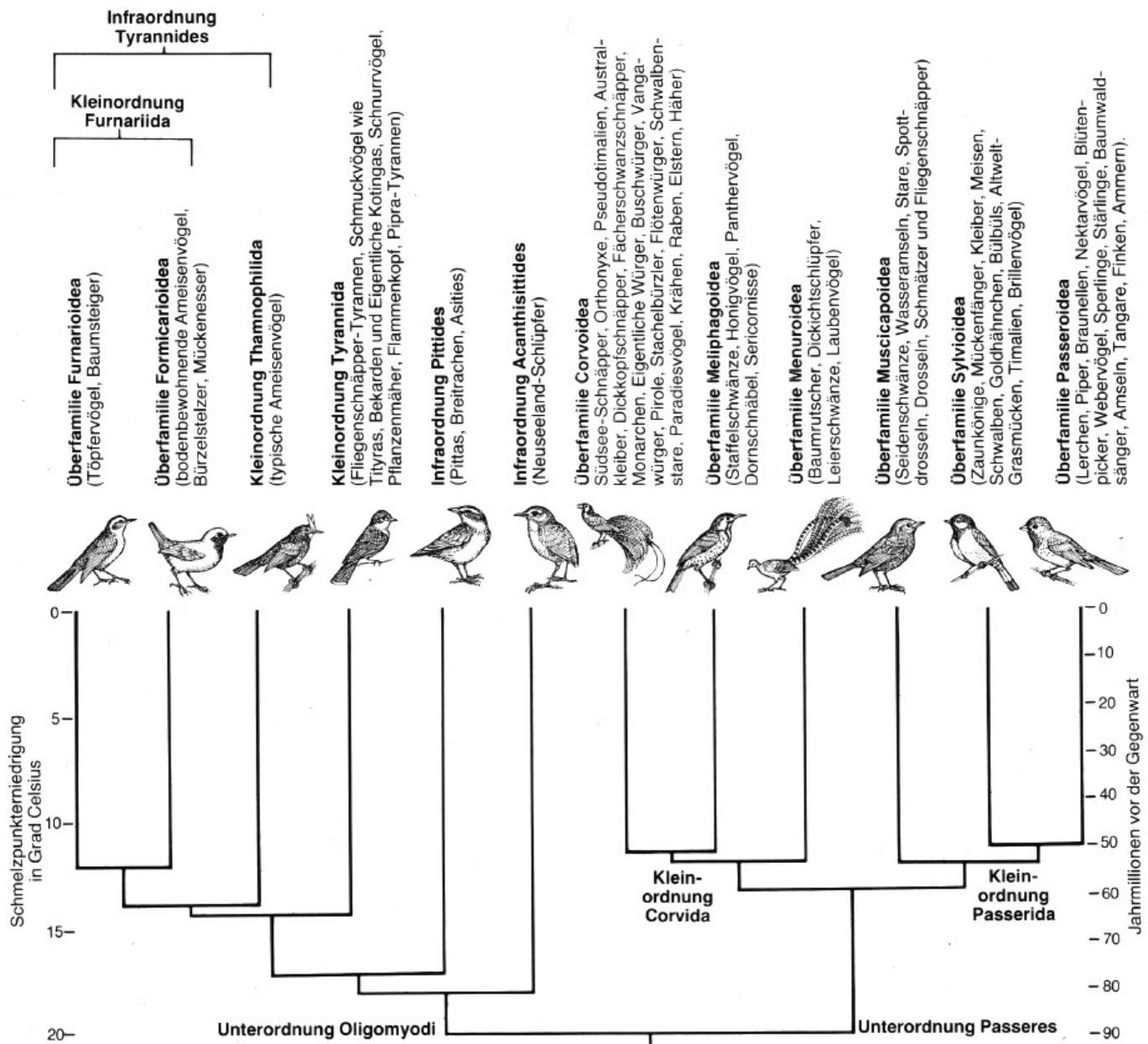


Abb. 8: Aus dem Ergebnis der DNA-DNA-Hybridisierung abgeleiteter Stammbaum der Sperlingsvögel [1]

Typische Merkmale von Grasmücken sind die mehr oder weniger graubraune Farbe sowie ihr Lebensraum in Wäldern und dichtem Gebüsch. Die Nahrung ist vielfältig, sie besteht in der Brutzeit häufig aus Insekten und deren Larven sowie Spinnen. Im Sommer werden aber auch Beeren und Früchte, bisweilen sogar Staubblätter und Nektar genutzt. Der Schnabel ist daher recht unspezialisiert.

Fliegenschnäpper sind kleine Vögel mit großem Kopf und großen Augen. Ihr Schnabel ist an der Basis flach und breit und weist kräftige Schnabelborsten auf. Die Beine sind kurz, die Füße klein, und die Flügel sind relativ lang und spitz. Die Tiere sind Insektenjäger, die in Bäumen leben. Sie lauern vorbeifliegenden Insekten auf, um sie dann in kurzen Abflügen zu erbeuten.

Begründe ob es sich bei diesen Merkmalen jeweils um eine homologes oder um ein analoges Merkmal handelt. Begründe anschließend genau mit Fachbegriffen, wie die Entstehungsgeschichte dieser Gruppen zu erklären ist und zeige eine Parallelie mit den Säugetieren auf.

- 10.3 "Als Australien im Tertiär auf Asien zudriftete, gelang es einigen Formen der Corvida, dorthin auszuwandern. Sie wurden zu Ahnformen einiger weniger neuer Gruppen. Dazu gehört auch der Tribus Corvini, der dieselben Arten einschließt wie die herkömmliche Familie Corvidae: Raben, Krähen, Häher, Elstern und ihre Verwandten. Heute sind von den Corvini 23 Gattungen bekannt: Davon treten 15 in Eurasien auf, zehn in Nordamerika, drei in Afrika und nur zwei [...] in Südamerika. Diese Zahlen [...] lassen den zeitlichen und räumlichen Ablauf der von Australien ausgehenden Ausbreitung erkennen" [1]

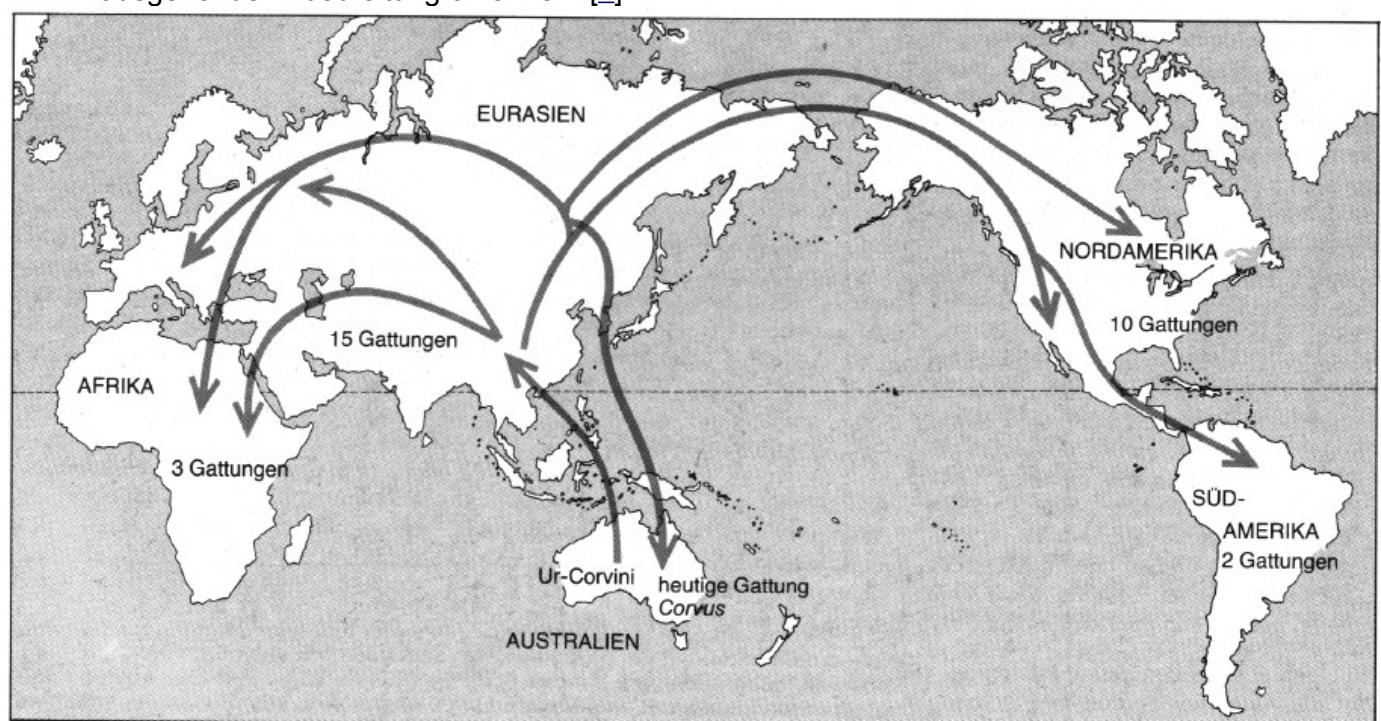


Abb. 9: Ausbreitung der Rabenvögel [1]

Beschreibe mit Hilfe der Abbildung stichpunktartig den Verlauf der Ausbreitung und Auffächerung der Rabenvögel. Woher stammen die bei uns lebenden und die heute in Australien lebenden Raben?

Begründe kurz, welche ähnliche Fragestellung sich im Rahmen der Evolution des Menschen ergibt!

Link-Tipps zum Weiterlesen und für die Erstellung eigener Aufgabenstellungen:

T1 Versuche, die Artikel den folgenden Kategorien zuzuordnen (auch mehrere Zuordnungen sind möglich):

A Reviewartikel: Übersicht über ein größeres zusammenhängendes Themengebiet, überwiegend als Zusammenfassung der Forschungsergebnisse anderer Forscher, auch mit einem Methodenvergleich.

B Forschungsartikel mit eher molekularem Schwerpunkt

C Forschungsartikel mit eher morphologischem Schwerpunkt

T2 Lies nochmals die Vorbemerkung zu Aufgabe 7 und versuche anschließend, die dort genannten Methoden den Artikeln zuzuordnen.

T3 Handelt es sich bei den ähnlichen Parasiten von Flamingos und Gänsevögeln tatsächlich um eine Homologie?

Literatur

- [1] Sibley, C. G.; Ahlquist, J. E. Der DNA-Stammbaum der Vögel.
In: Spektrum der Wissenschaft 5 (1986) S. 96-107.
- Smith ND, 2010 Phylogenetic Analysis of Pelecaniformes (Aves) Based on Osteological Data: Implications for Waterbird Phylogeny and Fossil Calibration Studies. PLoS ONE 5(10): e13354. doi:10.1371/journal.pone.0013354
<http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0013354>
- Diversification of Neoaves: integration of molecular sequence data and fossils
Per G.P Ericson, Cajsa L Anderson, Tom Britton, Andrzej Elzanowski, Ulf S Johansson, Mari Källersjö, Jan I Ohlson, Thomas J Parsons, Dario Zuccon and Gerald Mayr
Biol. Lett. 2006 2, 543-547
doi: 10.1098/rsbl.2006.0523
<http://rsbl.royalsocietypublishing.org/content/2/4/543.full?sid=01c10879-0a7a-4fcd-9a2b-bfcc4dd26182>
- Bird evolution: testing the Metaves clade with six new mitochondrial genomes
Mary Morgan-Richards, Steve A Trewick, Anna Bartosch-Härlid, Olga Kardailsky, Matthew J Phillips1, Patricia A McLenaghan and David Penny
BMC Evolutionary Biology 2008, 8:20
doi:10.1186/1471-2148-8-20
<http://www.biomedcentral.com/1471-2148/8/20>
- Diversification of Neoaves: integration of molecular sequence data and fossils
Per G.P Ericson,1* Cajsa L Anderson,2 Tom Britton,3 Andrzej Elzanowski,4 Ulf S Johansson,5 Mari Källersjö,1 Jan I Ohlson,1,6 Thomas J Parsons,7 Dario Zuccon,1 and Gerald Mayr8
Biol Lett. 2006 December 22; 2(4): 543–547.
Published online 2006 August 9.
doi: 10.1098/rsbl.2006.0523
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1834003>
- Higher-order phylogeny of modern birds (Theropoda, Aves: Neornithes) based on comparative anatomy. II. Analysis and discussion
BRADLEY C LIVEZEY1* and RICHARD L ZUSI2
Zool J Linn Soc. 2007 January 1; 149(1): 1–95.
doi: 10.1111/j.1096-3642.2006.00293.x
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2517308>
- Smith ND, 2010 Phylogenetic Analysis of Pelecaniformes (Aves) Based on Osteological Data: Implications for Waterbird Phylogeny and Fossil Calibration Studies. PLoS ONE 5(10): e13354. doi:10.1371/journal.pone.0013354
<http://www.plosone.org/article/info:doi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0013354>
- Phylogeny of Passerida (Aves: Passeriformes) based on nuclear and mitochondrial sequence data
Per G.P. Ericson, Corresponding Author Contact Information, E-mail The Corresponding Author, Ulf S. Johansson, b
Molecular Phylogenetics and Evolution
Volume 29, Issue 1, October 2003, Pages 126-138
doi:10.1016/S1055-7903(03)00067-8
<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1055790303000678>
- Multilocus perspectives on the monophyly and phylogeny of the order Charadriiformes (Aves)
Matthew G Fain and Peter Houde
BMC Evolutionary Biology 2007, 7:35
doi:10.1186/1471-2148-7-35
<http://www.biomedcentral.com/1471-2148/7/35>