

Métodos cuantitativos en Biología

**Presentado como un curso introductorio sobre el análisis de datos comunitarios,
filogenéticos y morfométricos.**

Colaboradores:

Ms. José Bustos (Estadístico)
Master en Bioestadística
Universidad de Concepción, Chile
jose.bustos@aespro.cl

Dr. Javier Echevarría (Paleontólogo)
Doctor en Ciencias Naturales
Universidad Nacional de La Plata, Argentina
javierechevarria@fcnym.unlp.edu.ar

Dr. Christian Ibáñez (Biólogo Evolutivo)
Doctor en Ecología y Biología Evolutiva, Chile
Universidad de Chile
ibanez.christian@gmail.com

Luis-Felipe Opazo (Paleoecólogo)
Doctor en Geociencia
Universidad de Plymouth, Inglaterra
luis.opazomella@plymouth.ac.uk

Introducción al Curso

Los análisis numéricos han comenzado a ser mucho más frecuentes con el advenimiento de los computadores, lo cual ha facilitado mucho más el acceso a complejos tratamientos. Esta práctica ha permitido que su uso pueda derivar a un más profundo entendimiento de los fenómenos naturales desde su cálculo. Por ello, este curso introductorio presenta clásicas y modernas herramientas de análisis de datos comunitarios, morfológicos y filogenéticos. Con el objeto de describir y discutir métodos numéricos, los cuales podrían ser exitosamente empleados en datos usando una clara y comprensiva aproximación.

Este curso esta dirigido básicamente a estudiantes de pregrado avanzados (desarrollando su tesis), master y doctorados que están cerca del comienzo de su educación profesional. Por ello, hemos estructurado este curso en torno a la potenciales problemáticas que el estudiante o el profesional pueda enfrentar.

Los cursos a tratar están organizados de manera de balancear la teoría y la práctica usando distintos software dependiendo de la naturaleza de la problemática y del conjunto de habilidades de cada colaborador. Las plataformas de trabajo van desde especializados software académicos desarrollados para análisis filogenéticos y morfométricos, a plataformas de libre acceso como PAST (PAleontological STatistics) y R (<http://www.r-project.org/>) los cuales facilitan grandemente análisis más complejos.

Este es un primer curso introductorio que condensa varios tópicos y sintetiza una gran cantidad de información de la literatura, en un marco estructurado y prospectivo, para ayudar a los interesados a aprovechar al máximo los métodos existentes.

Los colaboradores dan la bienvenida y con gran interés a todas sus sugerencias y críticas en nuestro curso intensivo de análisis cuantitativos a todos los participantes.

Por ultimo, nos queda agradecer a las siguientes personas e instituciones: Asociación Paleontológica de Chile, Museo de Historia Natural, y Universidad Andrés Bello.

José Bustos, Javier Echavarría, Christian Ibáñez y Luis Felipe Opazo, Organizadores

Curso Básico del Lenguaje de gráfico y estadístico R

R es un lenguaje y entorno de programación para análisis estadístico y gráfico.

Se trata de un proyecto de software libre, resultado de la implementación GNU del premiado lenguaje S. R y S-Plus -versión comercial de S- son, probablemente, los dos lenguajes más utilizados en investigación por la comunidad estadística, siendo además muy populares en el campo de la investigación biomédica, la bioinformática y las matemáticas financieras. A esto contribuye la posibilidad de cargar diferentes bibliotecas o paquetes con finalidades específicas de cálculo o gráfico.

La metodología de enseñanza se basará en una plataforma web orientada especialmente para el uso del software.

Programa de Curso

Encargado: Ms. José Bustos

Duración: Dos días

Requisitos: Ordenador portátil

Estructuración del curso: El curso es totalmente práctico (9:00 a 13:00 horas) y de (14:00 a 17:00 horas).

Temario

- Introducción:
- ¿Qué es R?
- Instalación básica
- Instalación de librerías
- Buscando ayuda en consola R, motor de búsqueda, r-list y stackoverflow
- Estructura del lenguaje
- La gran calculadora
- Generación de Objetos (Escalares, Vectores, Matrices)
- Generación de variables aleatorias
- Análisis exploratorio (promedio, varianza, n, etc)
- Gráficos en R: Análisis gráfico, histogramas, boxplot, scatterplots y gráficos avanzados con ggplot2. R graphics web (Fuente de gráficos).
- Importación de datos CVS, TXT (puntos, comas, etc), lectura web, R-web.
- Creación data.frame, manejo de objetos, attach.
- Selección de datos, recodificación, agregar columnas, filas, función merge.
- Manejo de datos faltantes
- Identificación puntos atípicos
- Exportar CSV, archivo EXCEL, Workspace, etc.
- Análisis univariado/bivariado,
- normalidad (Shapiro Wilk, KS, bondad), qqplot, pplot, etc
- Transformaciones variables
- Regresión Lineal.

Software

R program: <http://www.r-project.org/>

Referencias

(Un listado de las referencias se entregara a cada estudiante como material complementario)

1. Crawley Michael (2007) *The R Book*. John Wiley & Sons Ltd. Imperial College, Silwood Park, Ascot, Berks.
2. Phil Spector (2008) *Data Manipulation with R*. Springer Editions. ISBN 978-0-387-74730-9.
3. Yosef Cohen & Jeremiah Y. Cohen (2008) *Statistics and Data with R: An applied approach through examples*. Online ISBN: 9780470721896

Los manuales de R incluidos en todas las instalaciones son:

- *An introduction to R*. (De lectura obligatoria)
- *Writing R extensions*.
- *R data import/export*.
- *The R language definition*.
- R installation and administration.

Otras contribuciones en diferentes idiomas:

<http://cran.r-project.org/other-docs.html>

Medidas de diversidad biológica

Los análisis cuantitativos son un componente esencial en un amplio rango de modernas investigaciones ecológicas, paleontológicas y ambientales. Hay una gran cantidad de literatura que instruye al lector de como llevar a cabo análisis específicos (Kruskal y Wish 1978, Clarke 1993, Legendre y Legendre 1998, Sokal y Rohlf, 1995, Clarke y Warwick 2001, Hammer y Harper 2006). Sin embargo las metodologías de análisis de diversidad son muchas veces complejas por el número de especies que debe ser medido. Existen varias estrategias de análisis para este tipo de datos, sin embargo, lo primero es resumir los datos a un estadístico que represente la estructura e integridad ecológica y segundo, es hacer uso de análisis estadísticos. En este *mini*-curso se focaliza en aspectos conceptuales y prácticos, e incorpora herramientas robustas de análisis, las cuales permitan aplicarlas a estudios de biodiversidad o de impacto ambiental en variados hábitats.

Programa de Curso

Encargado: Dr. Luis Felipe Opazo

Duración: Dos días

Requisitos: Conocimientos en estadística, ecología general y un ordenador portátil.

Estructuración del curso: Clases teóricas se desarrollaran en la mañana (9:00 a 13:00 horas), mientras que las clases practicas se desarrollaran durante la tarde (14:00 a 17:00 horas).

Temario

Parte 1 – Introducción a la medida de diversidad biológica

- **Diversidad:** Definiciones, Supuesto de las medidas de biodiversidad , Escalas espaciales y medidas de diversidad, Componentes de la diversidad: Riqueza, abundancia y composición de especies
- **Riqueza de especies:** Definición , Medidas de la riqueza de especies, Curvas de acumulación de especies, Métodos paramétricos y no paramétricos, Intervalos de confianza: definición y aplicaciones, Análisis de datos
- **Abundancia:** Definición, Métodos gráficos de datos de abundancia, Modelos de abundancia de especies, Modelos estadísticos y biológicos (teóricos), Métodos de bondad de ajuste, Patrones de abundancia de especies, Análisis de datos
- **Índices de diversidad:** Medidas de diversidad, ¿Como elegir un índice de diversidad?, Índices paramétricos y no paramétricos, Diversidad taxonómica y funcional, Análisis de datos

Parte 2 – Análisis comparativo de las comunidades

- **Composición de especies:** Definición, Diversidad beta como medida de recambio espacial y temporal de especies, Medidas de diversidad (β) Beta, Estimando el número de especie compartidas, Análisis de datos
- **Comparando comunidades :** Medidas de diversidad y evaluación ambiental, Técnicas de rarefacción: definición y análisis de datos, Distribución de las abundancias, Estimaciones de

recambio de especies, Análisis de datos: construcción de una matriz de datos, Álgebra matricial: suma, resta y multiplicación de matrices (Generalidades), Índices de similitud, Medidas de agrupamiento, PCA

- DCA, NMDs, Análisis composicional de especies, ANOSIM, SIMPER, Opcional (Métodos de remuestreo)

Software

R program: <http://www.r-project.org/>

PAST (PAleontological Statistics): <http://nhm2.uio.no/norlex/past/download.html>

Referencias

(Un listado de las referencias se entregara a cada estudiante como material complementario)

1. Chao, A., 1984. Non-parametric estimation of the number of classes in a population. *Scandinavian Journal of Statistics*, 11: 265-270.
2. Chao, A., 1987. Estimating the population size for capture-recapture data with unequal catchability. *Biometrics*, 43: 783-791.
3. Clarke, K.R., 1993. Non-parametric multivariate analysis of changes in community structure. *Australian Journal of Ecology*, 18:117-143.
4. Clarke, K.R. and R.M. Warwick. 2001. *Changes in marine communities: An approach to statistical analysis and interpretation*. 2nd edition. PRIMER-E: Plymouth. 144 pp.
5. Coleman, B.D., Mares, M.A., Willig, M.R. and Hsieh., Y.-H., 1982. Randomness, area, and species richness. *Ecology*, **63**: 1121-1133.
6. Colwell, R. K., Mao, C. X., and Chang, J., 2004. Interpolating, extrapolating, and comparing incidence-based species accumulation curves. *Ecology*, **85**: 2717-2727
7. Colwell, R.K., 2000. EstimateS: Statistical Estimation of Species Richness and Shared Species from Samples (Software and User's Guide), Version 6.
<http://viceroy.eeb.uconn.edu/estimates>
8. Colwell, R.K., and Coddington, J.A., 1994. Estimating terrestrial biodiversity through extrapolation. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B*, **345**: 101-118.
9. Faith, D. P., Minchin, P. R., and Belbin, L., 1987. Compositional dissimilarity as a robust measure of ecological distance. *Vegetatio*, 69: 57-68.
10. Foggo, A., Attrill, M.J., Frost, M.T. and Rowden, A.A., 2003. Estimating marine species richness: an evaluation of six extrapolative techniques. *Marine Ecology Progress Series*, 248:15-26.
11. Frontier, S. 1987. Applications of fractal theory to ecology. In: Legendre, P. (Ed.) *Developments in Numerical Ecology*, Springer-Verlag, Berlin, pp. 357-378.
12. Frontier, S., 1985. Diversity and structure in aquatic ecosystems. *Oceanography and Marine Biology Annual Review*, 23: 253-312.
13. Gotelli, N. J. and Graves, G. R., 1996. *Null models in ecology*. Smithsonian Institution Press. Washington. 368 pp.
14. Gotelli, N.J. and Entsminger, G.L., 2011. *EcoSim: Null models software for ecology*. Version 7. Acquired Intelligence Inc. & Kesey-Bear. Jericho, VT 05465.
<http://garyentsminger.com/ecosim.htm>.
15. Hammer, Ø., and Harper, D.A.T., 2006. *Paleontological Data Analysis*. Blackwell, Oxford, 351 pp.
16. Hammer, Ø., Harper, D.A.T., and Ryan, P. D., 2001. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. *Palaeontologia Electronica*, 4:1-9.
17. Johnson, J.B. and Omland, K.S., 2004. Model selection in ecology and evolution. *Trends in Ecology and Evolution*, 2: 101-108.
18. Koleff, P., Gaston, K.J. and Lennon, J.J., 2003. Measuring beta diversity for presence absence data. *Journal of Animal Ecology*, 72: 367-382.

19. Kowalewski, M. and P. Novack-Gottshall. 2010. Resampling methods in paleontology. Pp. 19-54 in J. Alroy and G. Hunt, eds. *Quantitative Methods in Paleobiology*. Paleontological Society Special Paper 16. Yale Printing Services, New Haven.
20. Kruskal, J. B. y Wish, M. 1978. *Multidimensional Scaling*, Sage University Paper series on Quantitative Application in the Social Sciences, 07-011.
21. Layout, K. M. 2009. Ecological restructuring after extinction: The Late Ordovician (Mohawkian) of the eastern United States. *Palaios*, 24, 118–130.
22. Legendre, P. and Legendre, L. 1998. *Numerical ecology*. 2nd English edition. Elsevier Science BV, Amsterdam. 853 pp.
23. Magurran, A. E., 2004. *Measuring biological diversity*, Blackwell Publishing, Oxford, 256 pp.
24. McElwain, J. C., Wagner, P. J. and Hesselbo, S. P. 2009. Fossil Plant Relative Abundances Indicate Sudden Loss of Late Triassic Biodiversity in East Greenland. *Science*, 324, (5934) 1554-1556.
25. Olszewski, T.D., 2010. Diversity Partitioning Using Shannon's Entropy and its Relationship to Rarefaction, In: Alroy, J. and Hunt, G. (Eds.), *Quantitative Methods in Paleobiology*. The Paleontological Society Papers, pp. 95 -116.
26. Porter, S.D. and Savignano, D.A., 1990. Invasion of polygyne fire ants decimates native ants and disrupts arthropod community. *Ecology*, 71: 2095-2106.
27. Porter, S.D. and Savignano, D.A., 1990. Invasion of polygyne fire ants decimates native ants and disrupts arthropod community. *Ecology*, 71: 2095-2106.
28. Preston, F., 1948. The commonness and rarity of species. *Ecology*, 29: 254–283.
29. R Development Core Team., 2006. R: A Language and Environment for Statistical Computing, R Foundation for Statistical Computing, Vienna, <http://www.R-project.org>.
30. Smith, C.D. and Pontius, J.S, 2006. Jack-knife estimator of species Richness with S-Plus. *Journal of Statistical Software*, 15: 1-12.
31. Sokal, R.R., and F.J. Rohlf. 1995. *Biometry: The principles and practice of statistics in biological research*. 3rd edition. W.H. Freeman, New York, 937 pp.
32. Tokeshi, M., 1993. Species abundance patterns and community structure. *Advance in Ecological Reseach*, 24: 112-186.
33. Tomasovych, A. 2006. Brachiopod and bivalve ecology in the Late Triassic (Alps, Austria): Onshore-offshore replacements caused by variations in sediment and nutrient supply. *Palaios*, 21, (4) 344-368.
34. Tomasovych, A. and Siblík, M. 2007. Evaluating compositional turnover of brachiopod communities during the end-Triassic mass extinction (Northern Calcareous Alps): Removal of dominant groups, recovery and community reassembly. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 244, (1-4) 170-200.
35. Whittaker, R., 1965. Dominance and diversity in plant communities. *Science*, 147: 250–260.
36. Wilson, J. B., 1991. Methods for fitting dominance/diversity curves. *Journal of Vegetation Science*, 2: 35–46.
37. Zar, J.H. 1999. *Biostatistical Analysis*. 4th Edition. Prentice-Hall, New Jersey, pp. 931.

Reconstrucción Filogenética

Conocer las relaciones evolutivas (ancestro-descendiente) de un grupo de especies es el objetivo principal de los análisis filogenéticos. Gráficamente estas relaciones se ven en un árbol filogenético que puede ser inferido con diferentes técnicas estadísticas y modelos evolutivos. Las relaciones ancestro-descendiente de las especies pueden ser reconstruidas con datos morfológicos y/o moleculares de linajes extintos y/o existentes. La sistemática filogenética clasifica a los organismos vivos basándose en los árboles filogenéticos y no en las similitudes (fenéticas) entre los taxa. La comparación y estudio de las secuencias de ADN ha permitido mejorar clasificación taxonómica. Su uso en medicina legal tiene gran importancia en algunos casos para conocer las vías de transmisión y la evolución de agentes contagiosos. En las últimas décadas se ha convertido en un análisis de rutina en diferentes disciplinas de la biología debido a la rápida evolución de los computadores que han permitido el desarrollo de la bioinformática a nivel de usuario.

Objetivo General: Comprender la teoría y práctica de la Sistemática Filogenética.

Objetivos específicos:

- a) Entender los principios básicos relacionados con los análisis filogenéticos.
- b) Aplicar estos principios en la construcción de árboles filogenéticos.

Programa de Curso

Encargado: Dr. Christian Ibáñez

Duración: Dos días

Requisitos: Conocimientos en estadística, evolución y un ordenador portátil.

Estructuración del curso: Clases teóricas se desarrollaran en la mañana (9:00 a 13:00 horas), mientras que las clases practicas se desarrollaran durante la tarde (14:00 a 17:00 horas).

Temario

Reconstrucción filogenética

Teoría

- Homología y homoplasia
- Caracteres y codificación
- El método de la parsimonia
- Algoritmos de construcción de árboles
- Árboles de consenso
- Estadística descriptiva de árboles

- Medidas de soporte de los nodos
- Los métodos de máxima verosimilitud e inferencia bayesiana

Práctica

- Construcción de matrices de caracteres y codificación
- Tipos de parsimonia
- Algoritmos de construcción de árboles
- Árboles de consenso
- Estadística descriptiva de árboles
- Medidas de soporte de los nodos

Software

PAST (PAleontological STatistics): <http://nhm2.uio.no/norlex/past/download.html>

TNT (Tree analysis using New Technology): <http://www.zmuc.dk/public/phylogeny/tnt/>

Referencias

(Un listado de las referencias se entregara a cada estudiante como material complementario)

1. Albert V. (ed). 2006. Parsimony, Phylogeny, and Genomics. Oxford University Press, USA; New Ed edition.
2. Hall B. 2001. Phylogenetic trees Made Easy. Sinauer Associated Press.
3. Huelsenbeck J.P., F. Ronquist, R. Nielsen and J.P. Bollback. 2001. Bayesian Inference of Phylogeny and Its Impact on Evolutionary Biology. Science 214: 2310-2314.
4. Nei M. and Sudhir Kumar. 2000. Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford Press.
5. Wiens J.J. (Editor). 2000. Phylogenetic Analysis of Morphological Data. Smithsonian Series in Comparative Evolutionary Biology.
6. Wiley *EO & BS* Lieberman. 2011. Phylogenetics: theory and practice of phylogenetic systematics. 2nd ed. John Wiley & Sons, Hoboken.
7. Wiley, E.O., D. Siegel-Causey, D.R. Brooks and V.A. Funk. 1991. The Complete Cladist. A Primer of Phylogenetic Procedures. The University of Kansas Museum of Natural History Special Publication No. 19.
8. Yang Z. 2006. Computational Molecular Evolution (Oxford Series in Ecology and Evolution). Oxford University Press, USA.
9. Yang Z. and B. Rannala. 2012. Molecular phylogenetics: principles and practice. Nature Reviews Genetics, 13: 303-314.

Morfometría

El estudio de la forma resulta fundamental en biología desde sus orígenes. La morfometría clásica, basada en mediciones lineales simples y en las relaciones entre ellas, si bien ha realizados considerables aportes, resulta insuficiente a la hora de cuantificar en detalle las morfologías de los individuos o de sus partes. Es por ello que durante las últimas décadas han surgido diferentes métodos (cómo la morfometría geométrica y los análisis de contornos) que buscan cumplir este objetivo. Una detallada caracterización de la forma resulta relevante en un gran número de campos, como ser la taxonomía (diferenciación estadística de las especies, caracterización numérica de la variabilidad), la biología del desarrollo (reconocimiento de variaciones en la forma durante el desarrollo i.e. alometría), la biología evolutiva (reconocimiento de variaciones en la forma a lo largo del tiempo i.e. evolución morfológica), etc. La amplitud de estos campos hace de la morfometría una herramienta fundamental no sólo para los estudios neontológicos sino también para los paleontológicos, donde toda la información de la que se dispone es de tipo morfológico.

Programa de Curso

Encargado: Dr. Javier Echevarría

Duración: Dos días

Requisitos: Conocimientos de estadística y un ordenador portátil

Estructuración del curso: Clases teóricas se desarrollaran en la mañana (9:00 a 13:00 horas), mientras que las clases practicas se desarrollaran durante la tarde (14:00 a 17:00 horas).

Temario

Parte 1 – Análisis de coordenadas

- **Forma:** concepto – Cuantificación de la forma, diferentes métodos morfométricos – Representación de la forma, coordenadas cartesianas y coordenadas polares – Descriptores de la forma – Métodos de análisis: ordenación, comparación estadística, regresión.
- **Morfometría geométrica:** objetivos y aplicabilidad – Landmarks: definición y tipos – Matriz de configuración, centroide y tamaño de centroide – Métodos de superposición: eliminando diferencias en posición, orientación y tamaño – Coordenadas de Bookstein, Registro de línea de base móvil y Superposición de Procrustes.
- **Métodos de “thin-plate spline”:** – Deformaciones principales y parciales (“principal warps” y “partial warps”) – Deformaciones relativas (“relative warps”).

Parte 2 – Análisis de curvas

- **Análisis de curvas por medio de semi-landmarks:** – Métodos de superposición – Ventajas y desventajas.
- **Series de Fourier:** – Descriptores de forma – Análisis radial de Fourier (RFA) – Aplicación a contornos simples y complejos – Análisis de Fourier por el método de Zahn y Roskies (ZR Fourier) – Análisis elíptico de Fourier (EFA) – Análisis de curvas abiertas, transformación discreta del coseno (DCT).

- **Análisis de autoformas (eigenshape):** – Protocolo de aplicación – Descripción de curvas abiertas.

Softwares

TPSdig2: <http://life.bio.sunysb.edu/morph/>

Regress6, Semiland6, VecCompare6: <http://www3.canisius.edu/~sheets/morphsoft.html>

CoordGen6h, PCAGen6p: <http://www3.canisius.edu/~sheets/moremorph.html>

PAST (PAleontological STatistics): <http://nhm2.uio.no/norlex/past/download.html>

Referencias

(Un listado de las referencias se entregara a cada estudiante como material complementario)

1. Adams, D.C., 1999. Methods for shape analysis of landmark data from articulated structures. *Evolutionary Ecology Research*, 1: 959-970.
2. Bookstein, F.L., 1986. Size and shape spaces for landmark data in two dimensions. *Statistical Science*, 1, (2) 181-222.
3. Bookstein, F.L., 1989. Principal Warps: Thin-plate splines and the decomposition of deformations. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 11, (6) 567-585.
4. Bookstein, F.L., 1989. "Size and Shape": A comment on Semantics. *Systematic Zoology*, 38, (2) 173-180.
5. Bookstein, F. L., 1991. *Morphometric tools for landmark data: geometry and biology*. Cambridge University Press. 435 pp.
6. Bookstein, F.L., 1997. Landmark methods for forms without landmarks: morphometrics of group differences in outline shape. *Medical Image Analysis*, 1, (3) 225-243.
7. Crampton, J.S. 1995. Elliptic Fourier shape analysis of fossil bivalves: some practical considerations. *Lethaia*, 28: 179-186.
8. Crampton, J.S. and Haines, A.J., 1996. Users' manual for programs HANGLE, HMATCH, and HCURVE for the Fourier shape analysis of two-dimensional outlines. Institute of Geological and Nuclear Sciences, Science Report 96/37, 1-28.
9. Dommergues, J.L., Dommergues, C.H. and Meister, C., 2006. Exploration of the Oxynoticeratidae ornamental morphospace using the discrete cosine transformation (DCT) to analyze rib patterns. *Paleobiology*, 32, (4) 628-651.
10. Dommergues, C.H., Dommergues, J.L. and Verrecchia, E.P., 2007. The Discrete Cosine Transform, a Fourier-related method for morphometric analysis of open contours. *Mathematical Geology*, 39, (8) 749-763.
11. Gould, S.J., 1966. Allometry and size in ontogeny and phylogeny. *Biological Review*, 41: 587-640.
12. Haines, A.J. and Crampton, J.S., 2000. Improvements to the method of Fourier shape analysis as applied in morphometric studies. *Palaeontology*, 43, (4) 765-783.
13. Hammer, Ø. and Harper, D.A.T., 2006. *Paleontological Data Analysis*. Blackwell Publishing, 351 pp.
14. Hammer, Ø., Harper, D.A.T., and Ryan, P. D., 2001. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. *Palaeontologia Electronica*, 4:1-9.
15. Kim, K., Sheets, H.D., Haney, R.A. and Mitchell, C.E., 2002. Morphometric analysis of ontogeny and allometry of the Middle Ordovician trilobite *Triarthrus becki*. *Paleobiology*, 28, (3) 364-377.
16. Kuhl, F.P. and Giardina, C.R., 1982. Elliptic Fourier features of a closed contour. *Computer Graphics and Image Processing*, 18: 236-258.
17. Lohmann, G.P., 1983. Eigenshape Analysis of microfossils: a general morphometric procedure for describing changes in shape. *Mathematical Geology*, 15, (6) 659-672.

18. MacLeod, N., 1999. Generalizing and extending the eigenshape method of shape space visualization and analysis. *Paleobiology*, 25,(1) 107–138.
19. MacLeod, N., 2008a. Distances, landmarks and allometry. *Palaeontological Association Newsletter*, 68: 30–39.
20. MacLeod, N., 2008b. Size and shape coordinates. *Palaeontological Association Newsletter*, 69: 26–36.
21. MacLeod, N., 2009a. Who is Procrustes, and what has he done with my data? *Palaeontological Association Newsletter*, 70: 21–36.
22. MacLeod, N., 2009b. Shape theory. *Palaeontological Association Newsletter*, 71:34–47.
23. MacLeod, N., 2009c. Form & shape models. *Palaeontological Association Newsletter*, 72:14–27.
24. MacLeod, N., 2010a. Shape models II: the thin plate spline. *Palaeontological Association Newsletter*, 73:24–39.
25. MacLeod, N., 2010b. Principal & partial warps. *Palaeontological Association Newsletter*, 74:35–45.
26. MacLeod, N., 2010c. Principal warps, relative warps and Procrustes PCA. *Palaeontological Association Newsletter*, 75:22–33.
27. MacLeod, N., 2011a. Semilandmarks and radial Fourier analysis. *Palaeontological Association Newsletter*, 76:25–42.
28. MacLeod, N., 2011b. Centroids, complex outlines and shape functions. *Palaeontological Association Newsletter*, 77:36–45.
29. MacLeod, N., 2011c. The centre cannot hold I: Z-R Fourier Analysis. *Palaeontological Association Newsletter*, 78:35–45.
30. MacLeod, N., 2012a. The centre cannot hold II: Elliptic Fourier Analysis. *Palaeontological Association Newsletter*, 79:29–43.
31. MacLeod, N., 2012b. Going round the bend: Eigenshape Analysis I. *Palaeontological Association Newsletter*, 80:32–48.
32. Rabello Monteiro, L. and Furtado dos Reis, S., 1999. *Princípios de Morfometria Geométrica*. Holos Editora, 188 pp.
33. Rohlf, F.J., 1998. On application of geometric morphometrics to studies of ontogeny and phylogeny. *Systematic Biology*, 47, (1) 147-158.
34. Rohlf, F.J. and Bookstein, F.L. (eds.), 1990. *Proceedings of the Michigan Morphometrics Workshop. Special Publication 2, The University of Michigan Museum of Zoology*, 380 pp.
35. Warton, D.I., Wright, I.J., Falster, D.S. and Westoby, M., 2006. Bivariate line-fitting methods for allometry. *Biological Review*, 81, (2) 259-291.
36. Zahn, C.T. and Roskies, R.Z., 1972. Fourier descriptors for plane closed curves. *IEEE Transactions on Computers*, 21, (3) 269-281.
37. Zelditch, M.L., Swiderski, D.L., Sheets, H.D. and Fink, W.L., 2004. *Geometric morphometrics for biologists: a primer*. Elsevier Academic Press, 443 pp.

Nota: Los artículos de Palaeontological Association Newsletter pueden descargarse del siguiente link:
http://www.palass.org/modules.php?name=palaeo_math